

# Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/JP05/003652

International filing date: 03 March 2005 (03.03.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: JP  
Number: 2004-063277  
Filing date: 05 March 2004 (05.03.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 12 May 2005 (12.05.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland  
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

日本国特許庁  
JAPAN PATENT OFFICE

09.3.2005

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日  
Date of Application: 2004年 3月 5日

出願番号  
Application Number: 特願2004-063277

パリ条約による外国への出願  
に用いる優先権の主張の基礎  
となる出願の国コードと出願  
番号

The country code and number  
of your priority application,  
to be used for filing abroad  
under the Paris Convention, is

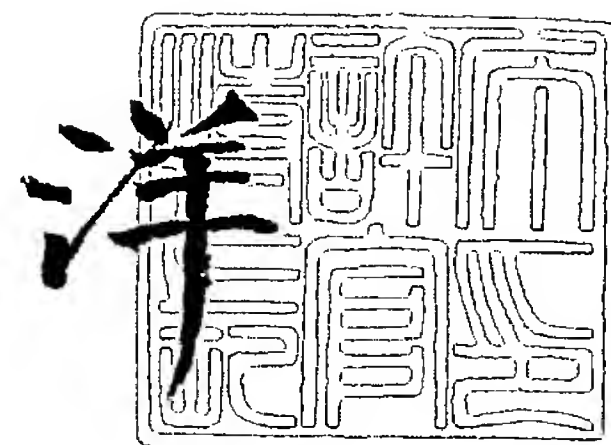
JP2004-063277

出願人  
Applicant(s): 財団法人阪大微生物病研究会

2005年 4月19日

特許庁長官  
Commissioner,  
Japan Patent Office

小川





【書類名】 特許願  
【整理番号】 J103392485  
【提出日】 平成16年 3月 5日  
【あて先】 特許庁長官 殿  
【国際特許分類】 C12N 15/38  
C12Q 1/68  
C12Q 1/70  
C07K 14/04

【発明者】  
【住所又は居所】 香川県三豊郡山本町大字辻 1 0 1 3 - 3  
【氏名】 長池 和広

【発明者】  
【住所又は居所】 大阪府茨木市南春日丘 7 - 1 0 - 3 - 3 0 3  
【氏名】 森 康子

【発明者】  
【住所又は居所】 香川県観音寺市室本町 1 1 4 5 - 2 1 7 サンハイツ ししほり  
D 1 0 1  
【氏名】 五味 康行

【発明者】  
【住所又は居所】 大阪府吹田市青山台 3 丁目 1 8 番 5 号  
【氏名】 高橋 理明

【発明者】  
【住所又は居所】 大阪府豊能郡豊能町光風台 2 - 1 - 2 1  
【氏名】 山西 弘一

【特許出願人】  
【識別番号】 000173692  
【氏名又は名称】 財団法人阪大微生物病研究会

【代理人】  
【識別番号】 100078282  
【弁理士】  
【氏名又は名称】 山本 秀策

【選任した代理人】  
【識別番号】 100062409  
【弁理士】  
【氏名又は名称】 安村 高明

【選任した代理人】  
【識別番号】 100113413  
【弁理士】  
【氏名又は名称】 森下 夏樹

【手数料の表示】  
【予納台帳番号】 001878  
【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】  
【物件名】 特許請求の範囲 1  
【物件名】 明細書 1  
【物件名】 図面 1  
【物件名】 要約書 1

【書類名】 特許請求の範囲

【請求項 1】

組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 2】

B A C ベクター配列を含む、請求項 1 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 3】

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に前記 B A C ベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 4】

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項 3 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 1 0 の O R F 内の領域、遺伝子 1 1 の O R F 内の領域、遺伝子 1 2 の O R F 内の領域、遺伝子 1 3 の O R F 内の領域、遺伝子 1 4 の O R F 内の領域、遺伝子 1 5 の O R F 内の領域、遺伝子 1 7 の O R F 内の領域、遺伝子 1 8 の O R F 内の領域、遺伝子 1 9 の O R F 内の領域、遺伝子 3 8 の O R F 内の領域、遺伝子 3 9 の O R F 内の領域、遺伝子 4 6 の O R F 内の領域、遺伝子 4 7 の O R F 内の領域、遺伝子 4 8 の O R F 内の領域、遺伝子 4 9 の O R F 内の領域、遺伝子 5 0 の O R F 内の領域、遺伝子 5 6 の O R F 内の領域、遺伝子 5 7 の O R F 内の領域、遺伝子 5 8 の O R F 内の領域、遺伝子 5 9 の O R F 内の領域、遺伝子 6 1 の O R F 内の領域、遺伝子 6 3 の O R F 内の領域、遺伝子 6 4 の O R F 内の領域、遺伝子 6 5 の O R F 内の領域、遺伝子 6 6 の O R F 内の領域、遺伝子 6 7 の O R F 内の領域、遺伝子 6 8 の O R F 内の領域、遺伝子 6 9 の O R F 内の領域、遺伝子 7 0 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

【請求項 5】

前記非必須領域が、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域である、請求項 4 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 6】

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 6 2 の O R F 内の領域に前記 B A C ベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 7】

前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 8】

前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 9】

前記選択マーカが薬剤選択マーカである、請求項 8 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイ

ルス。

【請求項 1 0】

前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 1 1】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 1 2】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 1 3】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 1 4】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 6 2 および遺伝子 6 に変異を有する、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 1 5】

前記遺伝子 6 2 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換：

- (a) 2 1 1 0 番塩基が G ；
- (b) 3 1 0 0 番塩基が G ；
- (c) 3 8 1 8 番塩基が C ；および
- (d) 4 0 0 6 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5 7 4 5 番塩基が G である塩基置換、  
を有する、請求項 1 4 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 1 6】

前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、請求項 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

【請求項 1 7】

請求項 1 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

【請求項 1 8】

ワクチンの形態である、請求項 1 7 に記載の薬学的組成物。

【請求項 1 9】

遺伝子 6 2 以外の水痘带状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子と B A C ベクター配列とを含む、ベクター。

【請求項 2 0】

さらに遺伝子 6 2 を含む、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 1】

哺乳動物細胞に導入された場合、該哺乳動物細胞が水痘带状疱疹ウイルスを産生する、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 2】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 B A C ベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 3】

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項 2 2 に記載のベクター：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、  
遺伝子 1 0 の O R F 内の領域、遺伝子 1 1 の O R F 内の領域、遺伝子 1 2 の O R F 内の領域、  
遺伝子 1 3 の O R F 内の領域、遺伝子 1 4 の O R F 内の領域、遺伝子 1 5 の O R F 内



の領域、遺伝子 1 7 の O R F 内の領域、遺伝子 1 8 の O R F 内の領域、遺伝子 1 9 の O R F 内の領域、遺伝子 3 8 の O R F 内の領域、遺伝子 3 9 の O R F 内の領域、遺伝子 4 6 の O R F 内の領域、遺伝子 4 7 の O R F 内の領域、遺伝子 4 8 の O R F 内の領域、遺伝子 4 9 の O R F 内の領域、遺伝子 5 0 の O R F 内の領域、遺伝子 5 6 の O R F 内の領域、遺伝子 5 7 の O R F 内の領域、遺伝子 5 8 の O R F 内の領域、遺伝子 5 9 の O R F 内の領域、遺伝子 6 1 の O R F 内の領域、遺伝子 6 3 の O R F 内の領域、遺伝子 6 4 の O R F 内の領域、遺伝子 6 5 の O R F 内の領域、遺伝子 6 6 の O R F 内の領域、遺伝子 6 7 の O R F 内の領域、遺伝子 6 8 の O R F 内の領域、遺伝子 6 9 の O R F 内の領域、遺伝子 7 0 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

【請求項 2 4】

前記連結する部位が、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域である、請求項 2 3 に記載のベクター。

【請求項 2 5】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 B A C ベクター配列と連結する部位が、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 6 2 の O R F 内の領域内である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 6】

前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 7】

前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 2 8】

前記選択マーカが薬剤選択マーカである、請求項 2 7 に記載のベクター。

【請求項 2 9】

前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項 2 7 に記載のベクター。

【請求項 3 0】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 1】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 2】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 3】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 6 2 および遺伝子 6 に変異を有する、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 4】

前記遺伝子 6 2 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換：

- (a) 2 1 1 0 番塩基が G ；
- (b) 3 1 0 0 番塩基が G ；
- (c) 3 8 1 8 番塩基が C ；および
- (d) 4 0 0 6 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5 7 4 5 番塩基が G である塩基置換、

を有する、請求項 3 3 に記載のベクター。

【請求項 3 5】

前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、請求項 1 9 に記載のベクター。

【請求項 3 6】

請求項 1 9 に記載のベクターを含む、細胞。

【請求項 3 7】

細菌である、請求項 3 6 に記載の細胞。

【請求項 3 8】

E. coli である、請求項 3 7 に記載の細菌。

【請求項 3 9】

哺乳動物細胞である、請求項 3 6 に記載の細胞。

【請求項 4 0】

ヒト由来の細胞である、請求項 3 9 に記載の哺乳動物細胞。

【請求項 4 1】

請求項 3 9 に記載の哺乳動物細胞によって産生された、ウイルス。

【請求項 4 2】

請求項 4 1 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

【請求項 4 3】

ワクチンの形態である、請求項 4 2 に記載の薬学的組成物。

【請求項 4 4】

組換え水痘带状疱疹ウイルスの製造方法であって、以下の工程：

遺伝子 6 2 以外の水痘带状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子と B A C ベクター配列とを含むベクターを、哺乳動物宿主細胞に導入する工程；および

該哺乳動物宿主細胞を培養して、組換え水痘带状疱疹ウイルスを産生させる工程、を包含する、方法。

【請求項 4 5】

前記ベクターがさらに遺伝子 6 2 を含む、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 4 6】

前記哺乳動物宿主細胞がヒト由来の細胞である、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 4 7】

前記 B A C ベクター配列が少なくとも 2 つの組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 4 8】

請求項 4 7 に記載の方法であって、前記 2 つの組換えタンパク質依存性組換え配列間での組換えを起こす工程をさらに包含する、方法。

【請求項 4 9】

前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 B A C ベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 5 0】

前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、請求項 4 9 に記載の方法：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、

遺伝子 1 0 の O R F 内の領域、遺伝子 1 1 の O R F 内の領域、遺伝子 1 2 の O R F 内の領域、遺伝子 1 3 の O R F 内の領域、遺伝子 1 4 の O R F 内の領域、遺伝子 1 5 の O R F 内の領域、遺伝子 1 7 の O R F 内の領域、遺伝子 1 8 の O R F 内の領域、遺伝子 1 9 の O R F 内の領域、遺伝子 3 8 の O R F 内の領域、遺伝子 3 9 の O R F 内の領域、遺伝子 4 6 の O R F 内の領域、遺伝子 4 7 の O R F 内の領域、遺伝子 4 8 の O R F 内の領域、遺伝子 4 9 の O R F 内の領域、遺伝子 5 0 の O R F 内の領域、遺伝子 5 6 の O R F 内の領域、遺伝子 5 7 の O R F 内の領域、遺伝子 5 8 の O R F 内の領域、遺伝子 5 9 の O R F 内の領域、遺伝子 6 1 の O R F 内の領域、遺伝子 6 3 の O R F 内の領域、遺伝子 6 4 の O R F 内の領域、遺伝子 6 5 の O R F 内の領域、遺伝子 6 6 の O R F 内の領域、遺伝子 6 7 の O R F 内の領域、遺伝子 6 8 の O R F 内の領域、遺伝子 6 9 の O R F 内の領域、遺伝子 7 0 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

【請求項 5 1】

前記非必須領域が、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域である、請求項 5 0 に記載の方法。

【請求項 5 2】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 B A C ベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 6 2 の O R F 内の領域である、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 5 3】

前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 5 4】

前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 5 5】

前記選択マーカが薬剤選択マーカである、請求項 5 4 に記載の方法。

【請求項 5 6】

前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項 5 4 に記載の方法。

【請求項 5 7】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 5 8】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 5 9】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 6 0】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 6 2 および遺伝子 6 に変異を有する、請求項 4



4 に記載の方法。

【請求項 6 1】

前記遺伝子 6 2 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換：

- (a) 2 1 1 0 番塩基が G ；
- (b) 3 1 0 0 番塩基が G ；
- (c) 3 8 1 8 番塩基が C ；および
- (d) 4 0 0 6 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5 7 4 5 番塩基が G である塩基置換、

を有する、請求項 6 0 に記載の方法。

【請求項 6 2】

前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、請求項 4 4 に記載の方法。

【請求項 6 3】

請求項 4 4 に記載の方法によって製造されたウイルス。

【請求項 6 4】

請求項 6 3 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

【請求項 6 5】

ワクチンの形態である、請求項 6 4 に記載の薬学的組成物。

【請求項 6 6】

請求項 1 9 に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、B A C ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

【請求項 6 7】

請求項 1 9 に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第 1 のフラグメントを含む第 1 のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第 1 のフラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第 2 のフラグメントを含む第 2 のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第 2 のフラグメントは少なくとも 1 つの変異を有し、そして該第 2 のフラグメントは該第 1 のフラグメントとは異なる、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、B A C ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

【請求項 6 8】

細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第 1 のフラグメント、B A C ベクター配列、および細菌細胞内において水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第 2 のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該 B A C 配列の両端の各々がそれぞれ第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントと連結する、核酸カセット。

【請求項 6 9】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが少なくとも 1 k b である、請求項 6

8 に記載の核酸カセット。

【請求項 7 0】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが少なくとも 1. 5 k b である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 7 1】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが少なくとも 2 k b である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 7 2】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 8 0 % 同一である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 7 3】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 8 5 % 同一である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 7 4】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 9 0 % 同一である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 7 5】

前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも 9 5 % 同一である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 7 6】

請求項 6 8 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来である、核酸カセット：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 1 0 の O R F 内の領域、遺伝子 1 1 の O R F 内の領域、遺伝子 1 2 の O R F 内の領域、遺伝子 1 3 の O R F 内の領域、遺伝子 1 4 の O R F 内の領域、遺伝子 1 5 の O R F 内の領域、遺伝子 1 7 の O R F 内の領域、遺伝子 1 8 の O R F 内の領域、遺伝子 1 9 の O R F 内の領域、遺伝子 3 8 の O R F 内の領域、遺伝子 3 9 の O R F 内の領域、遺伝子 4 6 の O R F 内の領域、遺伝子 4 7 の O R F 内の領域、遺伝子 4 8 の O R F 内の領域、遺伝子 4 9 の O R F 内の領域、遺伝子 5 0 の O R F 内の領域、遺伝子 5 6 の O R F 内の領域、遺伝子 5 7 の O R F 内の領域、遺伝子 5 8 の O R F 内の領域、遺伝子 5 9 の O R F 内の領域、遺伝子 6 1 の O R F 内の領域、遺伝子 6 2 の O R F 内の領域、遺伝子 6 3 の O R F 内の領域、遺伝子 6 4 の O R F 内の領域、遺伝子 6 5 の O R F 内の領域、遺伝子 6 6 の O R F 内の領域、遺伝子 6 7 の O R F 内の領域、遺伝子 6 8 の O R F 内の領域、遺伝子 6 9 の O R F 内の領域、遺伝子 7 0 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

【請求項 7 7】



請求項 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 80% 同一である、核酸カセット:

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子 39 の ORF に隣接する領域、遺伝子 46 の ORF に隣接する領域、遺伝子 47 の ORF に隣接する領域、遺伝子 48 の ORF に隣接する領域、遺伝子 49 の ORF に隣接する領域、遺伝子 50 の ORF に隣接する領域、遺伝子 56 の ORF に隣接する領域、遺伝子 57 の ORF に隣接する領域、遺伝子 58 の ORF に隣接する領域、遺伝子 59 の ORF に隣接する領域、遺伝子 61 の ORF に隣接する領域、遺伝子 62 の ORF に隣接する領域、遺伝子 63 の ORF に隣接する領域、遺伝子 64 の ORF に隣接する領域、遺伝子 65 の ORF に隣接する領域、遺伝子 66 の ORF に隣接する領域、遺伝子 67 の ORF に隣接する領域、遺伝子 68 の ORF に隣接する領域、遺伝子 69 の ORF に隣接する領域、および遺伝子 70 の ORF に隣接する領域。

【請求項 78】

請求項 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 85% 同一である、核酸カセット:

遺伝子 7 の ORF 内の領域、遺伝子 8 の ORF 内の領域、遺伝子 9 の ORF 内の領域、遺伝子 10 の ORF 内の領域、遺伝子 11 の ORF 内の領域、遺伝子 12 の ORF 内の領域、遺伝子 13 の ORF 内の領域、遺伝子 14 の ORF 内の領域、遺伝子 15 の ORF 内の領域、遺伝子 17 の ORF 内の領域、遺伝子 18 の ORF 内の領域、遺伝子 19 の ORF 内の領域、遺伝子 38 の ORF 内の領域、遺伝子 39 の ORF 内の領域、遺伝子 46 の ORF 内の領域、遺伝子 47 の ORF 内の領域、遺伝子 48 の ORF 内の領域、遺伝子 49 の ORF 内の領域、遺伝子 50 の ORF 内の領域、遺伝子 56 の ORF 内の領域、遺伝子 57 の ORF 内の領域、遺伝子 58 の ORF 内の領域、遺伝子 59 の ORF 内の領域、遺伝子 61 の ORF 内の領域、遺伝子 62 の ORF 内の領域、遺伝子 63 の ORF 内の領域、遺伝子 64 の ORF 内の領域、遺伝子 65 の ORF 内の領域、遺伝子 66 の ORF 内の領域、遺伝子 67 の ORF 内の領域、遺伝子 68 の ORF 内の領域、遺伝子 69 の ORF 内の領域、遺伝子 70 の ORF 内の領域、遺伝子 7 の ORF に隣接する領域、遺伝子 8 の ORF に隣接する領域、遺伝子 9 の ORF に隣接する領域、遺伝子 10 の ORF に隣接する領域、遺伝子 11 の ORF に隣接する領域、遺伝子 12 の ORF に隣接する領域、遺伝子 13 の ORF に隣接する領域、遺伝子 14 の ORF に隣接する領域、遺伝子 15 の ORF に隣接する領域、遺伝子 17 の ORF に隣接する領域、遺伝子 18 の ORF に隣接する領域、遺伝子 19 の ORF に隣接する領域、遺伝子 38 の ORF に隣接する領域、遺伝子

子 39 の O R F に隣接する領域、遺伝子 46 の O R F に隣接する領域、遺伝子 47 の O R F に隣接する領域、遺伝子 48 の O R F に隣接する領域、遺伝子 49 の O R F に隣接する領域、遺伝子 50 の O R F に隣接する領域、遺伝子 56 の O R F に隣接する領域、遺伝子 57 の O R F に隣接する領域、遺伝子 58 の O R F に隣接する領域、遺伝子 59 の O R F に隣接する領域、遺伝子 61 の O R F に隣接する領域、遺伝子 62 の O R F に隣接する領域、遺伝子 63 の O R F に隣接する領域、遺伝子 64 の O R F に隣接する領域、遺伝子 65 の O R F に隣接する領域、遺伝子 66 の O R F に隣接する領域、遺伝子 67 の O R F に隣接する領域、遺伝子 68 の O R F に隣接する領域、遺伝子 69 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 70 の O R F に隣接する領域。

【請求項 79】

請求項 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 90% 同一である、核酸カセット：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 10 の O R F 内の領域、遺伝子 11 の O R F 内の領域、遺伝子 12 の O R F 内の領域、遺伝子 13 の O R F 内の領域、遺伝子 14 の O R F 内の領域、遺伝子 15 の O R F 内の領域、遺伝子 17 の O R F 内の領域、遺伝子 18 の O R F 内の領域、遺伝子 19 の O R F 内の領域、遺伝子 38 の O R F 内の領域、遺伝子 39 の O R F 内の領域、遺伝子 46 の O R F 内の領域、遺伝子 47 の O R F 内の領域、遺伝子 48 の O R F 内の領域、遺伝子 49 の O R F 内の領域、遺伝子 50 の O R F 内の領域、遺伝子 56 の O R F 内の領域、遺伝子 57 の O R F 内の領域、遺伝子 58 の O R F 内の領域、遺伝子 59 の O R F 内の領域、遺伝子 61 の O R F 内の領域、遺伝子 62 の O R F 内の領域、遺伝子 63 の O R F 内の領域、遺伝子 64 の O R F 内の領域、遺伝子 65 の O R F 内の領域、遺伝子 66 の O R F 内の領域、遺伝子 67 の O R F 内の領域、遺伝子 68 の O R F 内の領域、遺伝子 69 の O R F 内の領域、遺伝子 70 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 10 の O R F に隣接する領域、遺伝子 11 の O R F に隣接する領域、遺伝子 12 の O R F に隣接する領域、遺伝子 13 の O R F に隣接する領域、遺伝子 14 の O R F に隣接する領域、遺伝子 15 の O R F に隣接する領域、遺伝子 17 の O R F に隣接する領域、遺伝子 18 の O R F に隣接する領域、遺伝子 19 の O R F に隣接する領域、遺伝子 38 の O R F に隣接する領域、遺伝子 39 の O R F に隣接する領域、遺伝子 46 の O R F に隣接する領域、遺伝子 47 の O R F に隣接する領域、遺伝子 48 の O R F に隣接する領域、遺伝子 49 の O R F に隣接する領域、遺伝子 50 の O R F に隣接する領域、遺伝子 56 の O R F に隣接する領域、遺伝子 57 の O R F に隣接する領域、遺伝子 58 の O R F に隣接する領域、遺伝子 59 の O R F に隣接する領域、遺伝子 61 の O R F に隣接する領域、遺伝子 62 の O R F に隣接する領域、遺伝子 63 の O R F に隣接する領域、遺伝子 64 の O R F に隣接する領域、遺伝子 65 の O R F に隣接する領域、遺伝子 66 の O R F に隣接する領域、遺伝子 67 の O R F に隣接する領域、遺伝子 68 の O R F に隣接する領域、遺伝子 69 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 70 の O R F に隣接する領域。

【請求項 80】

請求項 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 95% 同一である、核酸カセット：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 10 の O R F 内の領域、遺伝子 11 の O R F 内の領域、遺伝子 12 の O R F 内の領域、遺伝子 13 の O R F 内の領域、遺伝子 14 の O R F 内の領域、遺伝子 15 の O R F 内の領域、遺伝子 17 の O R F 内の領域、遺伝子 18 の O R F 内の領域、遺伝子 19 の O R F 内の領域、遺伝子 38 の O R F 内の領域、遺伝子 39 の O R F 内の領域、遺伝子 46 の O R F 内の領域、遺伝子 47 の O R F 内の領域、遺伝子 48 の O R F 内の領域、遺伝子 49 の O R F 内の領域、遺伝子 50 の O R F 内の領域、遺伝子 56 の O R F 内の領域、遺伝子



子 5 7 の O R F 内の領域、遺伝子 5 8 の O R F 内の領域、遺伝子 5 9 の O R F 内の領域、  
遺伝子 6 1 の O R F 内の領域、遺伝子 6 2 の O R F 内の領域、遺伝子 6 3 の O R F 内の領域、  
遺伝子 6 4 の O R F 内の領域、遺伝子 6 5 の O R F 内の領域、遺伝子 6 6 の O R F 内の領域、  
遺伝子 6 7 の O R F 内の領域、遺伝子 6 8 の O R F 内の領域、遺伝子 6 9 の O R F 内の領域、  
遺伝子 7 0 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、  
遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、  
および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

【請求項 8 1】

請求項 6 8 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが異なる領域に由来する、核酸カセット。

【請求項 8 2】

前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域由来である、請求項 7 2 に記載の核酸カセット。

【請求項 8 3】

前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 8 4】

前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 8 5】

前記選択マーカが薬剤選択マーカである、請求項 8 4 に記載の核酸カセット。

【請求項 8 6】

前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 8 7】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 8 8】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 8 9】

前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 9 0】

前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の核酸配列を有する、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【請求項 9 1】

配列番号 2 に記載の核酸配列を有する、請求項 6 8 に記載の核酸カセット。

【書類名】 明細書

【発明の名称】 組換え水痘带状疱疹ウイルス

【技術分野】

【0 0 0 1】

本発明は、組換え水痘带状疱疹ウイルス、特にBAC（大腸菌人工染色体）を用いて調製した組換え水痘带状疱疹ウイルス、およびそのようなウイルスを含む薬学的組成物に関する。さらに、本発明は、水痘带状疱疹ウイルスゲノム遺伝子とBACベクター配列とを含むベクター、ならびにそのようなベクターを含む細胞に関する。さらに、本発明は、組換え水痘带状疱疹ウイルスを製造する方法に関する。また、本発明は、水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、およびBACベクター配列を含む核酸カセットに関する。

【背景技術】

【0 0 0 2】

水痘带状疱疹ウイルス（*varicella-zoster virus*；VZV）は、ヒトヘルペス科に属するウイルスであり、二つの異なる臨床像を呈する疾患（水痘および带状疱疹）の原因である。このウイルスの初期感染は水痘（水疱瘡）を引き起こす。その後、ウイルスは、神経節に潜伏感染し、長い年月を経た後、何らかの誘因によって再活性化され、带状疱疹（ウイルス粒子が形成され、神経を伝わって表皮細胞に達し、神経分布領域に水痘を形成する症状）を引き起こす。

【0 0 0 3】

VZVのゲノムは、二本鎖DNAであって、約125000塩基からなる。全塩基配列は、Davisonらによって決定されており、ゲノム上には少なくとも72の遺伝子が存在することが知られている。

【0 0 0 4】

VZVのワクチンの開発は困難であり、VZVワクチンOk株は、高橋ら（特公昭53-41202号）によって開発された世界で唯一の水痘带状疱疹ウイルス用ワクチンである。現行の弱毒生水痘ワクチンは、弱毒水痘ウイルスOk株に由来のウイルスをシードに用いて製造され、世界の諸国で広く実用に供されている（Requirements for Varicella Vaccine (Live) Adopted 1984; Revised 1993: WHO Technical Report Series, No. 848, pp. 22-38, 1994）。このOk株は、典型的な水痘を呈した患児から、分離されたウイルス（Ok原株）を、ヒト胎児肺細胞を用いて34℃で12代、モルモット胎児細胞を用いて11代継代した後、ヒト二倍体細胞で数代継代して得られたものである。Ok原株は、強い病原性を有するのに対して、Okワクチン株（Ok株）は、健常児に接種してもほとんど副作用は認められない。そのため、Ok株は、病原性のほとんどないワクチン株として有用である。

【0 0 0 5】

ウイルスワクチンは、その継代培養とともに、遺伝子型が変化する可能性を有する。また、Ok株自体の調製過程において多数の継代培養がされていることから、Ok株自体も遺伝的に多様性を有する可能性がある。実際に、ワクチンの安全性と有効性とを確保するために、ワクチン製造工程での継代によるウイルスの遺伝的変異を考慮し、製造承認された水痘シードウイルスの継代数の制限、即ち、シード承認時の継代数を0代としてそこから総継代数10代以内のウイルスをワクチンに用いるとするシードロットシステムが制定されている。

【0 0 0 6】

一方、水痘ワクチンの効果の追跡や市販後調査（PMS: Post-Marketing Surveillance）、また、疫学の観点から、自然感染による水痘患者から分離した水痘ウイルス新鮮野外株と上記Ok株に由来のワクチン株との間のウイルス学的相違の解析が必要となり、免疫学および遺伝子工学等を駆使した解析が、既に種々試みられている。例えば、水痘ウイルス株間での遺伝子構造やDNA塩基配列の違い（Jour

nal of General Virology, 59, 660-668, 1986; 同前, 67, 1759-1816, 1986)、制限酵素Pst Iサイトの有無(Japanese Journal of Experimental Medicine, 59, 233-237, 1989)、PCR(Polymerase Chain Reaction)を用いるRFLP(Restriction Fragment Length Polymorphism)に基づく判定(Journal of Virology, 66, 1016-1020, 1992)、上記Pst Iサイトの有無とRFLPとの組合わせ(Journal of Clinical Microbiology, 33, 658-660, 1995)等による試行が報告されている。しかし、これらはいずれも、新鮮野外株とOk a株に由来のワクチン株とを鑑別するための条件を提起しているものであるが、Ok a株自体の遺伝的多様性の問題から、信頼性に欠け、確定的ではなく、そのため、ワクチンの品質管理において問題がある。更に、水痘ウイルスのgene14領域を用いる水痘ウイルスOk a株の同定方法(米国特許第6,093,535号)や、gene62領域を用いる弱毒生水痘ワクチン用ウイルス株の同定方法(国際公開番号WO00/50603)等も知られているが、いずれの技術も、水痘ウイルスOk a株(強毒親株)、これより派生したワクチン株(弱毒Ok a株)、及びOk a株以外の水痘ウイルス株の三者間の相違の検定を可能にしたものの、弱毒生水痘ワクチンの品質管理及び品質保証のための製剤基準としては必ずしも十分ではない。

#### 【0007】

現状では、ワクチンの品質を評価および確認するための方法、例えば、シードウイルスやワクチンウイルスのゲノムDNAの直接的ないしは定量的な遺伝子解析による品質管理は行われていないので、生ワクチン用の弱毒株の品質管理及び品質保証の精度は算出不能であり曖昧である。従って、品質管理及び品質保証の精度を高めることは、弱毒生水痘ワクチンの有効性・安全性・均質性を確保し保証する上で極めて重要である。しかし、上述の通り、未だその方法は確立されておらず、解決すべき急務の課題として残されていた。

#### 【0008】

また、Ok a株よりも優れた改変体水痘帯状疱疹ウイルスワクチンを開発するために、変異導入による組換え水痘帯状疱疹ウイルスおよびその作製方法も求められていた。

【特許文献1】特公昭53-41202号

【特許文献2】米国特許第6,093,535号

【特許文献3】国際公開番号WO00/50603

【非特許文献1】Requirements for Varicella Vaccine (Live) Adopted 1984; Revised 1993: WHO Technical Report Series, No. 848, pp. 22-38, 1994

【非特許文献2】Journal of General Virology, 59, 660-668, 1986

【非特許文献3】Journal of General Virology, 67, 1759-1816, 1986

【非特許文献4】Japanese Journal of Experimental Medicine, 59, 233-237, 1989

【非特許文献5】Journal of Virology, 66, 1016-1020, 1992

【非特許文献6】Journal of Clinical Microbiology, 33, 658-660, 1995

【発明の開示】

【発明が解決しようとする課題】

#### 【0009】

本発明の課題は、水痘帯状疱疹ウイルスワクチンの品質管理及び品質保証の精度を高め、弱毒生水痘ワクチンの有効性・安全性・均質性を確保し保証することにある。さらに本



発明の課題は、O k a 株よりも優れた改変体水痘带状疱疹ウイルスワクチンを開発するために、変異導入による組換え水痘带状疱疹ウイルスを作製する方法を確立して、そのようなウイルスを提供することにある。

【0 0 1 0】

そのために、本発明においては、組換え水痘带状疱疹ウイルス、およびその製造方法、例えば、B A C（大腸菌人工染色体）を用い、単一のウイルス株から組換え水痘带状疱疹ウイルスを作製する方法が、提供される。

【課題を解決するための手段】

【0 0 1 1】

本発明者らは、B A C ベクター配列を用いる組換え水痘带状疱疹ウイルス製造方法を開発することによって、本発明を完成した。

【0 0 1 2】

従って、本発明は以下を提供する。

1. 組換え水痘带状疱疹ウイルス。
2. B A C ベクター配列を含む、項目 1 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。
3. 水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に前記 B A C ベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。
4. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目 3 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 1 0 の O R F 内の領域、遺伝子 1 1 の O R F 内の領域、遺伝子 1 2 の O R F 内の領域、遺伝子 1 3 の O R F 内の領域、遺伝子 1 4 の O R F 内の領域、遺伝子 1 5 の O R F 内の領域、遺伝子 1 7 の O R F 内の領域、遺伝子 1 8 の O R F 内の領域、遺伝子 1 9 の O R F 内の領域、遺伝子 3 8 の O R F 内の領域、遺伝子 3 9 の O R F 内の領域、遺伝子 4 6 の O R F 内の領域、遺伝子 4 7 の O R F 内の領域、遺伝子 4 8 の O R F 内の領域、遺伝子 4 9 の O R F 内の領域、遺伝子 5 0 の O R F 内の領域、遺伝子 5 6 の O R F 内の領域、遺伝子 5 7 の O R F 内の領域、遺伝子 5 8 の O R F 内の領域、遺伝子 5 9 の O R F 内の領域、遺伝子 6 1 の O R F 内の領域、遺伝子 6 3 の O R F 内の領域、遺伝子 6 4 の O R F 内の領域、遺伝子 6 5 の O R F 内の領域、遺伝子 6 6 の O R F 内の領域、遺伝子 6 7 の O R F 内の領域、遺伝子 6 8 の O R F 内の領域、遺伝子 6 9 の O R F 内の領域、遺伝子 7 0 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

5. 前記非必須領域が、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域である、項目 4 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

6. 水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 6 2 の O R F 内の領域に前記 B A C ベクター配列の少なくとも一部が挿入されている、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

7. 前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

8. 前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

9. 前記選択マーカが薬剤選択マーカである、項目 8 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

10. 前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

11. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

12. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

13. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

14. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 6 2 および遺伝子 6 に変異を有する、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

15. 前記遺伝子 6 2 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換:

(a) 2 1 1 0 番塩基が G ;

(b) 3 1 0 0 番塩基が G ;

(c) 3 8 1 8 番塩基が C ; および

(d) 4 0 0 6 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5 7 4 5 番塩基が G である塩基置換、

を有する、項目 1 4 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

16. 前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、項目 2 に記載の組換え水痘带状疱疹ウイルス。

17. 項目 1 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

18. ワクチンの形態である、項目 1 7 に記載の薬学的組成物。

19. 遺伝子 6 2 以外の水痘带状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子と B A C ベクター配列とを含む、ベクター。

20. さらに遺伝子 6 2 を含む、項目 1 9 に記載のベクター。

21. 哺乳動物細胞に導入された場合、該哺乳動物細胞が水痘带状疱疹ウイルスを産生する、項目 1 9 に記載のベクター。

22. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 B A C ベクター配列と連結する部位が、該水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、項目 1 9 に記載のベクター。

23. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目 2 2 に記載のベクター:

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 10 の O R F 内の領域、遺伝子 11 の O R F 内の領域、遺伝子 12 の O R F 内の領域、遺伝子 13 の O R F 内の領域、遺伝子 14 の O R F 内の領域、遺伝子 15 の O R F 内の領域、遺伝子 17 の O R F 内の領域、遺伝子 18 の O R F 内の領域、遺伝子 19 の O R F 内の領域、遺伝子 38 の O R F 内の領域、遺伝子 39 の O R F 内の領域、遺伝子 46 の O R F 内の領域、遺伝子 47 の O R F 内の領域、遺伝子 48 の O R F 内の領域、遺伝子 49 の O R F 内の領域、遺伝子 50 の O R F 内の領域、遺伝子 56 の O R F 内の領域、遺伝子 57 の O R F 内の領域、遺伝子 58 の O R F 内の領域、遺伝子 59 の O R F 内の領域、遺伝子 61 の O R F 内の領域、遺伝子 63 の O R F 内の領域、遺伝子 64 の O R F 内の領域、遺伝子 65 の O R F 内の領域、遺伝子 66 の O R F 内の領域、遺伝子 67 の O R F 内の領域、遺伝子 68 の O R F 内の領域、遺伝子 69 の O R F 内の領域、遺伝子 70 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 10 の O R F に隣接する領域、遺伝子 11 の O R F

に隣接する領域、遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 1 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 3 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 4 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

2 4 . 前記連結する部位が、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域である、項目 2 3 に記載のベクター。

2 5 . 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記 B A C ベクター配列と連結する部位が、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 6 2 の O R F 内の領域内である、項目 1 9 に記載のベクター。

2 6 . 前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目 1 9 に記載のベクター。

2 7 . 前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、項目 1 9 に記載のベクター。

2 8 . 前記選択マーカが薬剤選択マーカである、項目 2 7 に記載のベクター。

2 9 . 前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目 2 7 に記載のベクター。

3 0 . 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目 1 9 に記載のベクター。

3 1 . 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目 1 9 に記載のベクター。

3 2 . 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、項目 1 9 に記載のベクター。

3 3 . 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 6 2 および遺伝子 6 に変異を有する、項目 1 9 に記載のベクター。

3 4 . 前記遺伝子 6 2 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 ( a ) ~ ( d ) の塩基置換：

( a ) 2 1 1 0 番塩基が G ；

( b ) 3 1 0 0 番塩基が G ；

( c ) 3 8 1 8 番塩基が C ；および

( d ) 4 0 0 6 番塩基が G 、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5 7 4 5 番塩基が G である塩基置換、

を有する、項目 3 3 に記載のベクター。

3 5 . 前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、項目 1 9 に記載のベクター。

3 6 . 項目 1 9 に記載のベクターを含む、細胞。

3 7 . 細菌である、項目 3 6 に記載の細胞。

3 8 . E . c o l i である、項目 3 7 に記載の細菌。

3 9 . 哺乳動物細胞である、項目 3 6 に記載の細胞。

4 0 . ヒト由来の細胞である、項目 3 9 に記載の哺乳動物細胞。

4 1 . 項目 3 9 に記載の哺乳動物細胞によって産生された、ウイルス。

4 2 . 項目 4 1 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

4 3 . ワクチンの形態である、項目 4 2 に記載の薬学的組成物。



44. 組換え水痘帯状疱疹ウイルスの製造方法であって、以下の工程:

遺伝子62以外の水痘帯状疱疹ウイルスゲノム必須遺伝子とBACベクター配列とを含むベクターを、哺乳動物宿主細胞に導入する工程; および

該哺乳動物宿主細胞を培養して、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを産生させる工程、を包含する、方法。

45. 前記ベクターがさらに遺伝子62を含む、項目44に記載の方法。

46. 前記哺乳動物宿主細胞がヒト由来の細胞である、項目44に記載の方法。

47. 前記BACベクター配列が少なくとも2つの組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目44に記載の方法。

48. 項目47に記載の方法であって、前記2つの組換えタンパク質依存性組換え配列間での組換えを起こす工程をさらに包含する、方法。

49. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内である、項目44に記載の方法。

50. 前記非必須領域が、以下の領域からなる群から選択される、項目49に記載の方法:

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

51. 前記非必須領域が、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である、項目50に記載の方法。

52. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノム由来の配列が前記BACベクター配列と連結する部位が、該水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域である、項目44に記載の方法。

53. 前記BACベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目44に記載の方法。

54. 前記BACベクター配列が選択マーカを含む、項目44に記載の方法。

55. 前記選択マーカが薬剤選択マーカである、項目54に記載の方法。

56. 前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目54

に記載の方法。

5 7. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目 4 4 に記載の方法。

5 8. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目 4 4 に記載の方法。

5 9. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、項目 4 4 に記載の方法。

6 0. 前記水痘带状疱疹ウイルスゲノムが遺伝子 6 2 および遺伝子 6 に変異を有する、項目 4 4 に記載の方法。

6 1. 前記遺伝子 6 2 が、配列番号 5 の塩基配列において、少なくとも以下 (a) ~ (d) の塩基置換：

(a) 2 1 1 0 番塩基が G ；

(b) 3 1 0 0 番塩基が G ；

(c) 3 8 1 8 番塩基が C ；および

(d) 4 0 0 6 番塩基が G、

ならびに前記遺伝子 6 が、配列番号 8 の塩基配列において、少なくとも 5 7 4 5 番塩基が G である塩基置換、

を有する、項目 6 0 に記載の方法。

6 2. 前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の配列を有するベクターである、項目 4 4 に記載の方法。

6 3. 項目 4 4 に記載の方法によって製造されたウイルス。

6 4. 項目 6 3 に記載のウイルスを含有する薬学的組成物。

6 5. ワクチンの形態である、項目 6 4 に記載の薬学的組成物。

【 0 0 1 3 】

6 6. 項目 1 9 に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、B A C ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

6 7. 項目 1 9 に記載のベクターに変異を導入する方法であって、以下の工程：

該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第 1 のフラグメントを含む第 1 のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第 1 のフラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第 2 のフラグメントを含む第 2 のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第 2 のフラグメントは少なくとも 1 つの変異を有し、そして該第 2 のフラグメントは該第 1 のフラグメントとは異なる、工程；

該細菌宿主細胞を培養する工程；

該培養した細菌宿主細胞から、B A C ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する、方法。

6 8. 細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第 1 のフラグメント、B A C ベクター配列、および細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第 2 のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該 B A C 配列の両端の各々がそれぞれ第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントと連結する、核酸カセット。

6 9. 前記第 1 のフラグメントおよび第 2 のフラグメントが少なくとも 1 k b である、項目 6 8 に記載の核酸カセット。



70. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも1.5 kbである、項目6-8に記載の核酸カセット。

71. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが少なくとも2 kbである、項目6-8に記載の核酸カセット。

72. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも80%同一である、項目6-8に記載の核酸カセット。

73. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも85%同一である、項目6-8に記載の核酸カセット。

74. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも90%同一である、項目6-8に記載の核酸カセット。

75. 前記第1のフラグメントおよび第2のフラグメントが、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、少なくとも95%同一である、項目6-8に記載の核酸カセット。

76. 項目6-8に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

77. 項目6-8に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも80%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子4

9 の O R F 内の領域、遺伝子 50 の O R F 内の領域、遺伝子 56 の O R F 内の領域、遺伝子 57 の O R F 内の領域、遺伝子 58 の O R F 内の領域、遺伝子 59 の O R F 内の領域、遺伝子 61 の O R F 内の領域、遺伝子 62 の O R F 内の領域、遺伝子 63 の O R F 内の領域、遺伝子 64 の O R F 内の領域、遺伝子 65 の O R F 内の領域、遺伝子 66 の O R F 内の領域、遺伝子 67 の O R F 内の領域、遺伝子 68 の O R F 内の領域、遺伝子 69 の O R F 内の領域、遺伝子 70 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 10 の O R F に隣接する領域、遺伝子 11 の O R F に隣接する領域、遺伝子 12 の O R F に隣接する領域、遺伝子 13 の O R F に隣接する領域、遺伝子 14 の O R F に隣接する領域、遺伝子 15 の O R F に隣接する領域、遺伝子 17 の O R F に隣接する領域、遺伝子 18 の O R F に隣接する領域、遺伝子 19 の O R F に隣接する領域、遺伝子 38 の O R F に隣接する領域、遺伝子 39 の O R F に隣接する領域、遺伝子 46 の O R F に隣接する領域、遺伝子 47 の O R F に隣接する領域、遺伝子 48 の O R F に隣接する領域、遺伝子 49 の O R F に隣接する領域、遺伝子 50 の O R F に隣接する領域、遺伝子 56 の O R F に隣接する領域、遺伝子 57 の O R F に隣接する領域、遺伝子 58 の O R F に隣接する領域、遺伝子 59 の O R F に隣接する領域、遺伝子 61 の O R F に隣接する領域、遺伝子 62 の O R F に隣接する領域、遺伝子 63 の O R F に隣接する領域、遺伝子 64 の O R F に隣接する領域、遺伝子 65 の O R F に隣接する領域、遺伝子 66 の O R F に隣接する領域、遺伝子 67 の O R F に隣接する領域、遺伝子 68 の O R F に隣接する領域、遺伝子 69 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 70 の O R F に隣接する領域。

78. 項目 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも 85 % 同一である、核酸カセット：

遺伝子 7 の O R F 内の領域、遺伝子 8 の O R F 内の領域、遺伝子 9 の O R F 内の領域、遺伝子 10 の O R F 内の領域、遺伝子 11 の O R F 内の領域、遺伝子 12 の O R F 内の領域、遺伝子 13 の O R F 内の領域、遺伝子 14 の O R F 内の領域、遺伝子 15 の O R F 内の領域、遺伝子 17 の O R F 内の領域、遺伝子 18 の O R F 内の領域、遺伝子 19 の O R F 内の領域、遺伝子 38 の O R F 内の領域、遺伝子 39 の O R F 内の領域、遺伝子 46 の O R F 内の領域、遺伝子 47 の O R F 内の領域、遺伝子 48 の O R F 内の領域、遺伝子 49 の O R F 内の領域、遺伝子 50 の O R F 内の領域、遺伝子 56 の O R F 内の領域、遺伝子 57 の O R F 内の領域、遺伝子 58 の O R F 内の領域、遺伝子 59 の O R F 内の領域、遺伝子 61 の O R F 内の領域、遺伝子 62 の O R F 内の領域、遺伝子 63 の O R F 内の領域、遺伝子 64 の O R F 内の領域、遺伝子 65 の O R F 内の領域、遺伝子 66 の O R F 内の領域、遺伝子 67 の O R F 内の領域、遺伝子 68 の O R F 内の領域、遺伝子 69 の O R F 内の領域、遺伝子 70 の O R F 内の領域、遺伝子 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 10 の O R F に隣接する領域、遺伝子 11 の O R F に隣接する領域、遺伝子 12 の O R F に隣接する領域、遺伝子 13 の O R F に隣接する領域、遺伝子 14 の O R F に隣接する領域、遺伝子 15 の O R F に隣接する領域、遺伝子 17 の O R F に隣接する領域、遺伝子 18 の O R F に隣接する領域、遺伝子 19 の O R F に隣接する領域、遺伝子 38 の O R F に隣接する領域、遺伝子 39 の O R F に隣接する領域、遺伝子 46 の O R F に隣接する領域、遺伝子 47 の O R F に隣接する領域、遺伝子 48 の O R F に隣接する領域、遺伝子 49 の O R F に隣接する領域、遺伝子 50 の O R F に隣接する領域、遺伝子 56 の O R F に隣接する領域、遺伝子 57 の O R F に隣接する領域、遺伝子 58 の O R F に隣接する領域、遺伝子 59 の O R F に隣接する領域、遺伝子 61 の O R F に隣接する領域、遺伝子 62 の O R F に隣接する領域、遺伝子 63 の O R F に隣接する領域、遺伝子 64 の O R F に隣接する領域、遺伝子 65 の O R F に隣接する領域、遺伝子 66 の O R F に隣接する領域、遺伝子 67 の O R F に隣接する領域、遺伝子 68 の O R F に隣接する領域、遺伝子 69 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 70 の O R F に隣接する領域。

79. 項目 68 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメ



ントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも90%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

80. 項目68に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも95%同一である、核酸カセット：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する

領域、遺伝子 5 0 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 5 9 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 1 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 2 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 3 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 4 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 5 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 6 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 7 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 8 の O R F に隣接する領域、遺伝子 6 9 の O R F に隣接する領域、および遺伝子 7 0 の O R F に隣接する領域。

8 1. 項目 6 8 に記載の核酸カセットであって、ここで、前記第 1 および第 2 のフラグメントが異なる領域に由来する、核酸カセット。

8 2. 前記第 1 および第 2 のフラグメントが、各々独立して、遺伝子 1 1 の O R F に隣接する領域または遺伝子 1 2 の O R F に隣接する領域由来である、項目 7 2 に記載の核酸カセット。

8 3. 前記 B A C ベクター配列が組換えタンパク質依存性組換え配列を含む、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

8 4. 前記 B A C ベクター配列が選択マーカを含む、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

8 5. 前記選択マーカが薬剤選択マーカである、項目 8 4 に記載の核酸カセット。

8 6. 前記選択マーカがグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

8 7. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが野生株由来である、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

8 8. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが変異株由来である、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

8 9. 前記水痘帯状疱疹ウイルスゲノムが O k a ワクチン株由来である、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

9 0. 前記 B A C ベクター配列が配列番号 7 に記載の核酸配列を有する、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

9 1. 配列番号 2 に記載の核酸配列を有する、項目 6 8 に記載の核酸カセット。

#### 【発明の効果】

##### 【0 0 1 4】

本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルス、およびその製造方法が提供される。例えば、本発明によって、B A C（大腸菌人工染色体）を用い、単一のウイルス株から組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法、およびその方法によって作製された組換え水痘帯状疱疹ウイルスが提供される。また、本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物がまた提供される。

##### 【0 0 1 5】

さらに、本発明によって、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子と B A C ベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、および B A C ベクター配列を含む核酸カセットが提供される。

#### 【発明を実施するための最良の形態】

##### 【0 0 1 6】

以下、本発明を説明する。本明細書の全体にわたり、単数形の表現は、特に言及しない限り、その複数形の概念をも含むことが理解されるべきである。また、本明細書において使用される用語は、特に言及しない限り、当該分野で通常用いられる意味で用いられることが理解されるべきである。したがって、他に定義されない限り、本明細書中で使用される全ての専門用語および科学技術用語は、本発明の属する分野の当業者によって一般的に理解されるのと同じ意味を有する。矛盾する場合、本明細書（定義を含めて）が優先する。

##### 【0 0 1 7】

（用語の定義）



以下に本明細書において特に使用される用語の定義を列挙する。

【0018】

本明細書において使用される場合、水痘帯状疱疹ウイルスの「必須遺伝子」とは、水痘帯状疱疹ウイルスが増殖するために必須の遺伝子をいう。また、水痘帯状疱疹ウイルスの「非必須遺伝子」とは、水痘帯状疱疹ウイルスが増殖するために必須ではない遺伝子であり、たとえ欠損したとしても、水痘帯状疱疹ウイルスが増殖し得る遺伝子をいう。水痘帯状疱疹ウイルスの非必須遺伝子としては、例えば、以下が挙げられるが、これらに限定されない：遺伝子7、遺伝子8、遺伝子9、遺伝子10、遺伝子11、遺伝子12、遺伝子13、遺伝子14、遺伝子15、遺伝子17、遺伝子18、遺伝子19、遺伝子38、遺伝子39、遺伝子46、遺伝子47、遺伝子48、遺伝子49、遺伝子50、遺伝子56、遺伝子57、遺伝子58、遺伝子59、遺伝子61、遺伝子63、遺伝子64、遺伝子65、遺伝子66、遺伝子67、遺伝子68、遺伝子69、および遺伝子70。

【0019】

ウイルスゲノム中の遺伝子が必須遺伝子である場合、その遺伝子の破壊によってウイルスは増殖できなくなる。従って、ウイルスゲノム中の任意の遺伝子を破壊して、そのウイルスの増殖を検出することによって、その遺伝子が必須遺伝子か非必須遺伝子かを決定することができる。

【0020】

本明細書において水痘帯状疱疹ウイルスの「野生株」とは、人工的な改変を受けていない、天然より単離された水痘帯状疱疹ウイルス株をいう。野生株の例としては、Davison, A. J. および Scott, J. E. (J. Gen. Virol. 67 (Pt 9), 1759-1816 (1986)) が同定した Dumas 株が挙げられるが、これに限定されない。この Dumas 株の核酸配列を配列番号5に記載する。この Dumas 株の ORF の番号および位置は、以下のとおりである。

ORF 番号	読み枠の方向	ゲノム上の位置	アミノ酸残基数
ORF 1	3' → 5' 方向	589 ~ 915	アミノ酸 1-108
ORF 2	5' → 3' 方向	1134 ~ 1850	アミノ酸 1-238
ORF 3	3' → 5' 方向	1908 ~ 2447	アミノ酸 1-179
ORF 4	3' → 5' 方向	2783 ~ 4141	アミノ酸 1-452
ORF 5	3' → 5' 方向	4252 ~ 5274	アミノ酸 1-340
ORF 6	3' → 5' 方向	5326 ~ 8577	アミノ酸 1-1083
ORF 7	5' → 3' 方向	8607 ~ 9386	アミノ酸 1-259
ORF 8	3' → 5' 方向	9477 ~ 10667	アミノ酸 1-396
ORF 9	5' → 3' 方向	11009 ~ 11917	アミノ酸 1-302
ORF 9A	5' → 3' 方向	10642 ~ 10902	アミノ酸 1-87
ORF 10	5' → 3' 方向	12160 ~ 13392	アミノ酸 1-410
ORF 11	5' → 3' 方向	13590 ~ 16049	アミノ酸 1-819
ORF 12	5' → 3' 方向	16214 ~ 18199	アミノ酸 1-661
ORF 13	5' → 3' 方向	18441 ~ 19346	アミノ酸 1-301
ORF 14	3' → 5' 方向	19431 ~ 21113	アミノ酸 1-560
ORF 15	3' → 5' 方向	21258 ~ 22478	アミノ酸 1-406
ORF 16	3' → 5' 方向	22568 ~ 23794	アミノ酸 1-408
ORF 17	5' → 3' 方向	24149 ~ 25516	アミノ酸 1-455
ORF 18	3' → 5' 方向	25573 ~ 26493	アミノ酸 1-306
ORF 19	3' → 5' 方向	26518 ~ 28845	アミノ酸 1-775
ORF 20	3' → 5' 方向	29024 ~ 30475	アミノ酸 1-483
ORF 21	5' → 3' 方向	30759 ~ 33875	アミノ酸 1-1038
ORF 22	5' → 3' 方向	34083 ~ 42374	アミノ酸 1-2763
ORF 23	3' → 5' 方向	42431 ~ 43138	アミノ酸 1-235
ORF 24	3' → 5' 方向	43212 ~ 44021	アミノ酸 1-269

ORF 2 5	3' → 5' 方向	4 4 1 4 8 ~ 4 4 6 1 8	アミノ酸 1 - 1 5 6
ORF 2 6	5' → 3' 方向	4 4 5 0 6 ~ 4 6 2 6 3	アミノ酸 1 - 5 8 5
ORF 2 7	5' → 3' 方向	4 6 1 2 7 ~ 4 7 1 2 8	アミノ酸 1 - 3 3 3
ORF 2 8	3' → 5' 方向	4 7 0 5 2 ~ 5 0 6 3 6	アミノ酸 1 - 1 1 9 4
ORF 2 9	5' → 3' 方向	5 0 8 5 7 ~ 5 4 4 7 1	アミノ酸 1 - 1 2 0 4
ORF 3 0	5' → 3' 方向	5 4 6 5 1 ~ 5 6 9 6 3	アミノ酸 1 - 7 7 0
ORF 3 1	5' → 3' 方向	5 7 0 0 8 ~ 5 9 6 1 4	アミノ酸 1 - 8 6 8
ORF 3 2	5' → 3' 方向	5 9 7 6 6 ~ 6 0 1 9 7	アミノ酸 1 - 1 4 3
ORF 3 3	3' → 5' 方向	6 0 3 2 1 ~ 6 2 1 3 8	アミノ酸 1 - 6 0 5
ORF 3 3 . 5	3' → 5' 方向	6 0 3 2 1 ~ 6 1 2 2 9	アミノ酸 1 - 3 0 1
ORF 3 4	3' → 5' 方向	6 2 1 7 1 ~ 6 3 9 1 0	アミノ酸 1 - 5 7 9
ORF 3 5	3' → 5' 方向	6 3 9 7 7 ~ 6 4 7 5 3	アミノ酸 1 - 2 5 8
ORF 3 6	5' → 3' 方向	6 4 8 0 7 ~ 6 5 8 3 2	アミノ酸 1 - 3 4 1
ORF 3 7	5' → 3' 方向	6 6 0 7 4 ~ 6 8 5 9 9	アミノ酸 1 - 8 4 1
ORF 3 8	3' → 5' 方向	6 8 6 6 8 ~ 7 0 2 9 3	アミノ酸 1 - 5 4 1
ORF 3 9	5' → 3' 方向	7 0 6 3 3 ~ 7 1 3 5 5	アミノ酸 1 - 2 4 0
ORF 4 0	5' → 3' 方向	7 1 5 4 0 ~ 7 5 7 3 0	アミノ酸 1 - 1 3 9 6
ORF 4 1	5' → 3' 方向	7 5 8 4 7 ~ 7 6 7 9 7	アミノ酸 1 - 3 1 6
ORF 4 2 + 4 5	3' → 5' 方向	7 6 8 5 1 ~ 7 8 0 3 8 および 8 1 5 3 8 ~ 8 2 5 9 3	アミノ酸 1 - 7 4 7
ORF 4 3	5' → 3' 方向	7 8 1 7 0 ~ 8 0 2 0 0	アミノ酸 1 - 6 7 6
ORF 4 4	5' → 3' 方向	8 0 3 6 0 ~ 8 1 4 5 1	アミノ酸 1 - 3 6 3
ORF 4 6	5' → 3' 方向	8 2 7 1 9 ~ 8 3 3 1 8	アミノ酸 1 - 1 9 9
ORF 4 7	5' → 3' 方向	8 3 1 6 8 ~ 8 4 7 0 0	アミノ酸 1 - 5 1 0
ORF 4 8	5' → 3' 方向	8 4 6 6 7 ~ 8 6 3 2 2	アミノ酸 1 - 5 5 1
ORF 4 9	5' → 3' 方向	8 6 2 2 6 ~ 8 6 4 7 1	アミノ酸 1 - 8 1
ORF 5 0	3' → 5' 方向	8 6 5 7 5 ~ 8 7 8 8 2	アミノ酸 1 - 4 3 5
ORF 5 1	5' → 3' 方向	8 7 8 8 1 ~ 9 0 3 8 8	アミノ酸 1 - 8 3 5
ORF 5 2	5' → 3' 方向	9 0 4 9 3 ~ 9 2 8 0 8	アミノ酸 1 - 7 7 1
ORF 5 3	3' → 5' 方向	9 2 8 5 5 ~ 9 3 8 5 0	アミノ酸 1 - 3 3 1
ORF 5 4	3' → 5' 方向	9 3 6 7 5 ~ 9 5 9 8 4	アミノ酸 1 - 7 6 9
ORF 5 5	5' → 3' 方向	9 5 9 9 6 ~ 9 8 6 4 1	アミノ酸 1 - 8 8 1
ORF 5 6	5' → 3' 方向	9 8 5 6 8 ~ 9 9 3 0 2	アミノ酸 1 - 2 4 4
ORF 5 7	3' → 5' 方向	9 9 4 1 1 ~ 9 9 6 2 6	アミノ酸 1 - 7 1
ORF 5 8	3' → 5' 方向	9 9 6 0 7 ~ 1 0 0 2 7 2	アミノ酸 1 - 2 2 1
ORF 5 9	3' → 5' 方向	1 0 0 3 0 2 ~ 1 0 1 2 1 9	アミノ酸 1 - 3 0 5
ORF 6 0	3' → 5' 方向	1 0 1 1 7 0 ~ 1 0 1 6 4 9	アミノ酸 1 - 1 5 9
ORF 6 1	3' → 5' 方向	1 0 3 0 8 2 ~ 1 0 4 4 8 5	アミノ酸 1 - 4 6 7
ORF 6 2	3' → 5' 方向	1 0 5 2 0 1 ~ 1 0 9 1 3 3	アミノ酸 1 - 1 3 1 0
ORF 6 3	5' → 3' 方向	1 1 0 5 8 1 ~ 1 1 1 4 1 7	アミノ酸 1 - 2 7 8
ORF 6 4	5' → 3' 方向	1 1 1 5 6 5 ~ 1 1 2 1 0 7	アミノ酸 1 - 1 8 0
ORF 6 5	3' → 5' 方向	1 1 2 3 3 2 ~ 1 1 2 6 4 0	アミノ酸 1 - 1 0 2
ORF 6 6	5' → 3' 方向	1 1 3 0 3 7 ~ 1 1 4 2 1 8	アミノ酸 1 - 3 9 3
ORF 6 7	5' → 3' 方向	1 1 4 4 9 6 ~ 1 1 5 5 6 0	アミノ酸 1 - 3 5 4
ORF 6 8	5' → 3' 方向	1 1 5 8 0 8 ~ 1 1 7 6 7 9	アミノ酸 1 - 6 2 3
ORF 6 9	3' → 5' 方向	1 1 7 7 9 0 ~ 1 1 8 3 3 2	アミノ酸 1 - 1 8 0
ORF 7 0	3' → 5' 方向	1 1 8 4 8 0 ~ 1 1 9 3 1 6	アミノ酸 1 - 2 7 8
ORF 7 1	5' → 3' 方向	1 2 0 7 6 4 ~ 1 2 4 6 9 6	アミノ酸 1 - 1 3 1 0

上記の表で、「5' → 3' 方向」とは、ORF が配列番号 5 の核酸配列と同一の方向にあることを示し、「3' → 5' 方向」とは、ORF が配列番号 5 の核酸配列と逆の方向にあ



ることを示す。上記ORFの核酸配列および／またはアミノ酸配列と相同な配列を同定することによって、当業者は、Dumas株以外の株由来のゲノム中のORFを同定することを容易になし得る。

#### 【0021】

本明細書において「変異株」とは、野生株であるウイルス株に、変異誘発、多数回の継代培養などによって変異誘発をした水痘帯状疱疹ウイルス株をいう。水痘帯状疱疹ウイルス株に変異誘発する場合、この変異誘発は、ランダムな変異導入であっても、部位特異的変異導入であってもよい。

#### 【0022】

本明細書において使用する場合、「弱毒化ウイルス」とは、ウイルス変異株の一種であって毒性が野生株より減弱化されているものをいう。ウイルス変異株が毒性が野生株より減弱化されているか否かを決定する方法、すなわち、水痘帯状疱疹ウイルスの病原性を試験する方法について、2つの方法が確立されている。

#### 【0023】

動物モデルを用いる方法として、ヒトの皮膚を移植した重症複合免疫不全（SCID）マウスを作製し、これに水痘帯状疱疹ウイルスを感染させることによって、病原性についての評価をする方法が周知である（J. Virol. 1998 Feb; 72 (2) : 965-74, ）。

#### 【0024】

これに対し試験管内で病原性の評価を行う方法としては、ポアサイズが3  $\mu$ mのトランスウェルで仕切られた二層のウェルの下側に単層培養のヒトメラノーマ細胞を入れ、上側に水痘帯状疱疹ウイルスを感染させた臍帯血単核球（CBMC）をそれぞれ入れ、7～8日培養した後のメラノーマ細胞のCPE（細胞変性効果）の程度を観察する方法もまた周知である（J. Virol. 2000 Feb; 74 (4) : 1864-70）。

#### 【0025】

また、病原性を直接確認する方法ではないが、本発明者らのこれまでの結果（J. Virol. 2002 Nov; 76 (22) : 11447-59）から、ウイルスの病原性と増殖性には密接な関連があることが理解されているため、infectious center assayによってcell-to-cellの増殖性を調べることによって間接的に病原性について評価を行うことができる。

#### 【0026】

人工的にウイルスを弱毒化する方法は、公知である。例えば、配列番号5に記載の遺伝子62において、少なくとも以下（a）～（d）の塩基置換：

- （a）2110番塩基がG；
- （b）3100番塩基がG；
- （c）3818番塩基がC；および
- （d）4006番塩基がG、

ならびに配列番号8に記載の遺伝子6において、少なくとも5745番塩基がGである塩基置換、

を有する水痘帯状疱疹ウイルスを、弱毒化ウイルスとして使用可能である。

#### 【0027】

上記水痘帯状疱疹ウイルスを用いる代わりに、（a）～（d）の塩基置換に加え、以下の（e）～（g）の少なくとも1以上の塩基置換：

- （e）1251番塩基がG；
- （f）2226番塩基がG；および
- （g）3657番塩基がG

を有する弱毒水痘ウイルス株を使用することが可能である。

#### 【0028】

さらに、本発明において、上記水痘帯状疱疹ウイルスを用いる代わりに、（a）～（g）の少なくとも1以上の塩基置換に加え、以下の（h）～（o）の少なくとも1以上の塩

基置換：

- (h) 1 6 2 番塩基が C ；
- (i) 2 2 5 番塩基が C ；
- (j) 5 2 3 番塩基が C ；
- (k) 1 5 6 5 番塩基が C ；
- (l) 1 7 6 3 番塩基が C ；
- (m) 2 6 5 2 番塩基が C ；
- (n) 4 0 5 2 番塩基が C ；および
- (o) 4 1 9 3 番塩基が C

を有する弱毒水痘ウイルス株を使用することが可能である。

【0029】

あるいは、「弱毒化ウイルス」として、例えば、遺伝子 6 2 に、以下からなる群から選択される塩基置換の少なくとも 1 つを有するウイルスを使用し得る：

- (a) 2 1 1 0 番塩基が G ；
- (b) 3 1 0 0 番塩基が G ；
- (c) 3 8 1 8 番塩基が C ；
- (d) 4 0 0 6 番塩基が G ；
- (e) 1 2 5 1 番塩基が G ；
- (f) 2 2 2 6 番塩基が G ；
- (g) 3 6 5 7 番塩基が G ；
- (h) 1 6 2 番塩基が C ；
- (i) 2 2 5 番塩基が C ；
- (j) 5 2 3 番塩基が C ；
- (k) 1 5 6 5 番塩基が C ；
- (l) 1 7 6 3 番塩基が C ；
- (m) 2 6 5 2 番塩基が C ；
- (n) 4 0 5 2 番塩基が C ；および
- (o) 4 1 9 3 番塩基が C。

【0030】

本明細書において使用される用語「タンパク質」「ポリペプチド」、「オリゴペプチド」および「ペプチド」は、本明細書において同じ意味で使用され、任意の長さのアミノ酸のポリマーをいう。

【0031】

本明細書において使用される用語「ポリヌクレオチド」、「オリゴヌクレオチド」および「核酸」は、本明細書において同じ意味で使用され、任意の長さのヌクレオチドのポリマーをいう。他にそうではないと示されなければ、特定の核酸配列はまた、明示的に示された配列と同様に、その保存的に改変された改変体（例えば、縮重コドン置換体）および相補配列を包含することが企図される。具体的には、縮重コドン置換体は、1 またはそれ以上の選択された（または、すべての）コドンの 3 番目の位置が混合塩基および／またはデオキシイノシン残基で置換された配列を作成することにより達成され得る（B a t z e r ら、N u c l e i c A c i d R e s . 1 9 : 5 0 8 1 ( 1 9 9 1 ) ; O h t s u k a ら、J . B i o l . C h e m . 2 6 0 : 2 6 0 5 - 2 6 0 8 ( 1 9 8 5 ) ; R o s s o l i n i ら、M o l . C e l l . P r o b e s 8 : 9 1 - 9 8 ( 1 9 9 4 ) ) 。

【0032】

本明細書において「遺伝子」とは、遺伝形質を規定する因子をいう。通常染色体上に一定の順序に配列している。タンパク質の一次構造を規定する遺伝子を構造遺伝子といい、その発現を左右する調節遺伝子という。本明細書では、「遺伝子」は、「ポリヌクレオチド」、「オリゴヌクレオチド」および「核酸」ならびに／あるいは「タンパク質」「ポリペプチド」、「オリゴペプチド」および「ペプチド」をさすことがある。本明細書において遺伝子の「オープンリーディングフレーム」または「ORF」とは、遺伝子の塩基配列

を3塩基ずつに区切った時の3通りの枠組の1つであって、開始コドンを含み、そして途中で終止コドンが出現せずある程度の長さを持ち、実際にタンパク質をコードする可能性のある読み枠をいう。水痘帯状疱疹ウイルスゲノムは、その全塩基配列が決定されており、少なくとも71個の遺伝子が同定されており、その遺伝子の各々がオープンリーディングフレーム（ORF）を有することが公知である。

#### 【0033】

本明細書において、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内の遺伝子の「ORF内の領域」とは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にある遺伝子においてORFを形成する塩基の存在する領域をいう。

#### 【0034】

本明細書において、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内の遺伝子の「ORFに隣接する領域」とは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にある遺伝子においてORFの近傍にある塩基の存在する領域であって、その遺伝子または他の遺伝子のORF内の領域に該当しない領域をいう。

#### 【0035】

本明細書において遺伝子の「相同性」とは、2以上の遺伝子配列の、互いに対する同一性の程度をいう。従って、ある2つの遺伝子の相同性が高いほど、それらの配列の同一性または類似性は高い。2種類の遺伝子が相同性を有するか否かは、配列の直接の比較、または核酸の場合ストリンジェントな条件下でのハイブリダイゼーション法によって調べられ得る。2つの遺伝子配列を直接比較する場合、その遺伝子配列間でDNA配列が、代表的には少なくとも50%同一である場合、好ましくは少なくとも70%同一である場合、より好ましくは少なくとも80%、90%、95%、96%、97%、98%または99%同一である場合、それらの遺伝子は相同性を有する。

#### 【0036】

本明細書では塩基配列の同一性の比較および相同性の算出は、配列分析用ツールであるBLASTを用いてデフォルトパラメータを用いて算出される。

#### 【0037】

本明細書において遺伝子、ポリヌクレオチド、ポリペプチドなどの「発現」とは、その遺伝子などがインビボで一定の作用を受けて、別の形態になることをいう。好ましくは、遺伝子、ポリヌクレオチドなどが、転写および翻訳されて、ポリペプチドの形態になることをいうが、転写されてmRNAが作製されることもまた発現の一態様であり得る。より好ましくは、そのようなポリペプチドの形態は、翻訳後プロセッシングを受けたものであり得る。

#### 【0038】

アミノ酸は、その一般に公知の3文字記号か、またはIUPAC-IUB Biochemical Nomenclature Commissionにより推奨される1文字記号のいずれかにより、本明細書中で言及され得る。ヌクレオチドも同様に、一般に受け入れられた1文字コードにより言及され得る。

#### 【0039】

本明細書において、「フラグメント」とは、全長のポリペプチドまたはポリヌクレオチド（長さがn）に対して、1～n-1までの配列長さを有するポリペプチドまたはポリヌクレオチドをいう。フラグメントの長さは、その目的に応じて、適宜変更することができ、例えば、その長さの下限としては、ポリペプチドの場合、3、4、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50およびそれ以上のアミノ酸が挙げられ、この具体的に列挙していない整数で表される長さ（例えば、11など）もまた、下限として適切であり得る。また、ポリヌクレオチドの場合、5、6、7、8、9、10、15、20、25、30、40、50、75、100、200、300、400、500、600、700、800、900、1000およびそれ以上のヌクレオチドが挙げられ、この具体的に列挙していない整数で表される長さ（例えば、11など）もまた、下限として適切であり得る。



## 【0 0 4 0】

BACベクター内の遺伝子がコードするポリペプチドは、天然型のポリペプチドと実質的に同一の作用を有する限り、アミノ酸配列中の1以上（例えば、1または数個）のアミノ酸が置換、付加および／または欠失していてもよく、糖鎖が置換、付加および／または欠失していてもよい。

## 【0 0 4 1】

本明細書において使用する場合、「糖鎖」とは、単位糖（単糖および／またはその誘導体）が1つ以上連なってできた化合物をいう。単位糖が2つ以上連なる場合は、各々の単位糖同士の間は、グリコシド結合による脱水縮合によって結合する。このような糖鎖としては、例えば、生体中に含有される多糖類（グルコース、ガラクトース、マンノース、フコース、キシロース、N-アセチルグルコサミン、N-アセチルガラクトサミン、シアル酸ならびにそれらの複合体および誘導体）の他、分解された多糖、糖タンパク質、プロテオグリカン、グリコサミノグリカン、糖脂質などの複合生体分子から分解または誘導された糖鎖など広範囲なものが挙げられるがそれらに限定されない。したがって、本明細書では、糖鎖は、「多糖（ポリサッカリド）」、「糖質」、「炭水化物」と互換可能に使用され得る。また、特に言及しない場合、本明細書において「糖鎖」は、糖鎖および糖鎖含有物質の両方を包含する。

## 【0 0 4 2】

あるアミノ酸を、同様の疎水性指数を有する他のアミノ酸により置換して、そして依然として同様の生物学的機能を有するタンパク質（例えば、酵素活性において等価なタンパク質）を生じさせ得ることが当該分野で周知である。このようなアミノ酸置換において、疎水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらに好ましい。疎水性に基づくこのようなアミノ酸の置換は効率的であることが当該分野において理解される。親水性指標もまた、改変体作製において考慮される。米国特許第4、554、101号に記載されるように、以下の親水性指数がアミノ酸残基に割り当てられている：アルギニン（+3.0）；リジン（+3.0）；アスパラギン酸（+3.0±1）；グルタミン酸（+3.0±1）；セリン（+0.3）；アスパラギン（+0.2）；グルタミン（+0.2）；グリシン（0）；スレオニン（-0.4）；プロリン（-0.5±1）；アラニン（-0.5）；ヒスチジン（-0.5）；システイン（-1.0）；メチオニン（-1.3）；バリン（-1.5）；ロイシン（-1.8）；イソロイシン（-1.8）；チロシン（-2.3）；フェニルアラニン（-2.5）；およびトリプトファン（-3.4）。アミノ酸が同様の親水性指数を有しかつ依然として生物学的等価体を与え得る別のものに置換され得ることが理解される。このようなアミノ酸置換において、親水性指数が±2以内であることが好ましく、±1以内であることがより好ましく、および±0.5以内であることがさらに好ましい。

## 【0 0 4 3】

本発明において、「保存的置換」とは、アミノ酸置換において、元のアミノ酸と置換されるアミノ酸との親水性指数または／および疎水性指数が上記のように類似している置換をいう。保存的置換の例は、当業者に周知であり、例えば、次の各グループ内での置換：アルギニンおよびリジン；グルタミン酸およびアスパラギン酸；セリンおよびスレオニン；グルタミンおよびアスパラギン；ならびにバリン、ロイシン、およびイソロイシン、などが挙げられるがこれらに限定されない。

## 【0 0 4 4】

本明細書において、「改変体」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドなどの物質に対して、一部が変更されているものをいう。そのような改変体としては、置換改変体、付加改変体、欠失改変体、短縮（truncated）改変体、対立遺伝子変異体などが挙げられる。対立遺伝子（allele）とは、同一遺伝子座に属し、互いに区別される遺伝的改変体のことをいう。従って、「対立遺伝子変異体」とは、ある遺伝子に対して、対立遺伝子の関係にある改変体をいう。「種相同体またはホモログ（homolog）」とは、ある種の中で、ある遺伝子とアミノ酸レベルまたはヌクレオチドレベルで、

相同性（好ましくは、60%以上の相同性、より好ましくは、80%以上、85%以上、90%以上、95%以上の相同性）を有するものをいう。そのような種相同体を取得する方法は、本明細書の記載から明らかである。「オルソログ（ortholog）」とは、オルソログ遺伝子（orthologous gene）ともいい、二つの遺伝子がある共通祖先からの種分化に由来する遺伝子をいう。例えば、多重遺伝子構造をもつヘモグロビン遺伝子ファミリーを例にとると、ヒトとマウスの $\alpha$ ヘモグロビン遺伝子はオルソログであるが、ヒトの $\alpha$ ヘモグロビン遺伝子と $\beta$ ヘモグロビン遺伝子はパラログ（遺伝子重複で生じた遺伝子）である。オルソログは、分子系統樹の推定に有用であることから、本発明のオルソログもまた、本発明において有用であり得る。

#### 【0045】

「保存的（に改変された）改変体」は、アミノ酸配列および核酸配列の両方に適用される。特定の核酸配列に関して、保存的に改変された改変体とは、同一のまたは本質的に同一のアミノ酸配列をコードする核酸をいい、核酸がアミノ酸配列をコードしない場合には、本質的に同一な配列をいう。遺伝コードの縮重のため、多数の機能的に同一な核酸が任意の所定のタンパク質をコードする。例えば、コドンGCA、GCC、GCG、およびGCUはすべて、アミノ酸アラニンをコードする。したがって、アラニンがコドンにより特定される全ての位置で、そのコドンは、コードされたポリペプチドを変更することなく、記載された対応するコドンの任意のものに変更され得る。このような核酸の変動は、保存的に改変された変異の1つの種である「サイレント改変（変異）」である。ポリペプチドをコードする本明細書中のすべての核酸配列はまた、その核酸の可能なすべてのサイレント変異を記載する。当該分野において、核酸中の各コドン（通常メチオニンのための唯一のコドンであるAUG、および通常トリプトファンのための唯一のコドンであるTGGを除く）が、機能的に同一な分子を産生するために改変され得ることが理解される。したがって、ポリペプチドをコードする核酸の各サイレント変異は、記載された各配列において暗黙に含まれる。好ましくは、そのような改変は、ポリペプチドの高次構造に多大な影響を与えるアミノ酸であるシステインの置換を回避するようになされ得る。

#### 【0046】

本明細書中において、機能的に等価なポリペプチドをコードする遺伝子を含むBACベクターを作製するために、アミノ酸の置換のほかに、アミノ酸の付加、欠失、または修飾もまた行うことができる。アミノ酸の置換とは、もとのペプチドを1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸で置換することをいう。アミノ酸の付加とは、もとのペプチド鎖に1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸を付加することをいう。アミノ酸の欠失とは、もとのペプチドから1つ以上、例えば、1～10個、好ましくは1～5個、より好ましくは1～3個のアミノ酸を欠失させることをいう。アミノ酸修飾は、アミド化、カルボキシル化、硫酸化、ハロゲン化、アルキル化、グリコシル化、リン酸化、水酸化、アシル化（例えば、アセチル化）などを含むが、これらに限定されない。置換、または付加されるアミノ酸は、天然のアミノ酸であってもよく、非天然のアミノ酸、またはアミノ酸アナログでもよい。天然のアミノ酸が好ましい。

#### 【0047】

本明細書において使用されるポリペプチドの核酸形態は、そのポリペプチドのタンパク質形態を発現し得る核酸分子をいう。この核酸分子は、発現されるポリペプチドが天然型のポリペプチドと実質的に同一の活性を有する限り、上述のようにその核酸の配列の一部が欠失または他の塩基により置換されていてもよく、あるいは他の核酸配列が一部挿入されていてもよい。あるいは、5'末端および／または3'末端に他の核酸が結合していてもよい。また、ポリペプチドをコードする遺伝子をストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、そのポリペプチドと実質的に同一の機能を有するポリペプチドをコードする核酸分子でもよい。このような遺伝子は、当該分野において公知であり、本発明において利用することができる。

#### 【0048】



このような核酸は、周知のPCR法により得ることができ、化学的に合成することもできる。これらの方法に、例えば、部位特異的変位誘発法、ハイブリダイゼーション法などを組み合わせてもよい。

#### 【0049】

本明細書において、ポリペプチドまたはポリヌクレオチドの「置換、付加または欠失」とは、もとのポリペプチドまたはポリヌクレオチドに対して、それぞれアミノ酸もしくはその代替物、またはヌクレオチドもしくはその代替物が、置き換わること、付け加わることまたは取り除かれることをいう。このような置換、付加または欠失の技術は、当該分野において周知であり、そのような技術の例としては、部位特異的変異誘発技術などが挙げられる。置換、付加または欠失は、1つ以上であれば任意の数でよく、そのような数は、その置換、付加または欠失を有する改変体において目的とする機能が保持される限り、多くすることができる。例えば、そのような数は、1または数個であり得、そして好ましくは、全体の長さの20%以内、10%以内、または100個以下、50個以下、25個以下などであり得る。

#### 【0050】

高分子構造（例えば、ポリペプチド構造）は種々のレベルの構成に関して記述され得る。この構成の一般的な議論については、例えば、Albertsら、Molecular Biology of the Cell（第3版、1994）、ならびに、CantorおよびSchimmel、Biophysical Chemistry Part I: The Conformation of Biological Macromolecules（1980）を参照。本発明において利用され得る一般的な分子生物学的手法としては、Ausubel F. A. ら編（1988）、Current Protocols in Molecular Biology、Wiley、New York、NY；Sambrook Jら（1987）Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NYなどを参酌して当業者であれば容易に実施をすることができる。

#### 【0051】

本明細書において遺伝子について言及する場合、「ベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるものをいう。そのようなベクターとしては、原核生物細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自律複製が可能であるか、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。

#### 【0052】

「BACベクター」とは、大腸菌のFプラスミドをもとにして作製されたプラスミドで、約300kb以上の巨大なサイズのDNA断片を大腸菌などの細菌内で安定に保持し増殖させることが可能なベクターである。BACベクターは、少なくともBACベクターの複製に必須の領域を含む。その複製に必須の領域としては、例えば、Fプラスミドの複製開始点であるori Sまたはその改変体が挙げられる。

#### 【0053】

本明細書において「BACベクター配列」とは、BACベクターとしての機能に必須の配列を含む配列をいう。必要に応じて、BACベクター配列は、「組換えタンパク質依存性組換え配列」および／または「選択マーカー」をさらに含み得る。

#### 【0054】

本明細書において核酸の「組換え」とは、用語「相同組換え」と互換可能に使用され、2つの異なる相同な核酸分子の会合によって開始し、乗り換えが起こり、核酸の新しい組み合わせが生じることをいう。本明細書において使用する場合、相同組換えには、「組換えタンパク質依存的組換え」および「組換えタンパク質非依存的組換え」の両方が含まれる。「組換えタンパク質依存的組換え」とは、組換えタンパク質存在下において生じるが

、組換えタンパク質非存在下では生じない、相同組換えをいう。「組換えタンパク質非依存的組換え」とは、組換えタンパク質の存在の有無に関わらずに生じる、相同組換えをいう。本明細書において「組換えタンパク質依存性組換え配列」とは、組換えタンパク質依存的組換えを生じる配列をいい、「組換えタンパク質非依存性組換え配列」とは、組換えタンパク質非依存的組換えを生じる配列をいう。組換えタンパク質依存性組換え配列は、組換えタンパク質存在下では、組換えを生じるが、組換えタンパク質非存在下では、組換えを生じない。組換えタンパク質は、好ましくは、組換えタンパク質依存性組換え配列に特異的に作用し、組換えタンパク質依存性組換え配列以外の配列には作用しない。

#### 【0055】

代表的な組換えタンパク質依存性組換え配列と、組換えタンパク質との対としては、以下が挙げられるが、これらに限定されない：バクテリオファージ P1 由来の loxP (locus of crossover of P1) 配列と Cre (cyclization recombination) タンパク質との組み合わせ、Flp タンパク質と FRT 部位との組み合わせ、 $\phi$ C31 と attB, attP との組み合わせ (Thorpe, Helena M.; Wilson, Stuart E.; Smith, Margaret C. M., Control of directionality in the site-specific recombination system of the Streptomyces phage  $\phi$ C31, Molecular Microbiology (2000), 38 (2), 232-241.)、リソルバーゼと res 部位との組み合わせ (Sadowski P., Site-specific recombinases: changing partners and doing the twist. J. Bacteriol., 1986 年 2 月; 165 (2) 341-7) (一般的には、Sauer B. Site-specific recombination: developments and applications., Curr Opin Biotechnol. 1994 Oct; 5 (5): 521-7. を参照のこと)。

#### 【0056】

本明細書において使用する場合、「選択マーカー」とは、BAC ベクターを含む宿主細胞を選択する指標として機能する遺伝子をいう。選択マーカーとしては、蛍光マーカー、発光マーカー、および薬剤選択マーカーが挙げられるが、これらに限定されない。「蛍光マーカー」としては、グリーン蛍光タンパク質 (GFP) のような蛍光タンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない。「発光マーカー」としては、ルシフェラーゼのような発光タンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない。「薬剤選択マーカー」としては、以下からなる群から選択されるタンパク質をコードする遺伝子が挙げられるが、これらに限定されない：ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子、グルタミンシンセターゼ遺伝子、アスパラギン酸トランスアミナーゼ、メタロチオネイン (MT)、アデノシンデアミナーゼ (ADA)、アデノシンデアミナーゼ (AMPD1, 2)、キサンチン-グアニン-ホスホリボシルトランスフェラーゼ、UMP シンターゼ、P-グリコプロテイン、アスパラギンシンテターゼ、およびオルニチンデカルボキシラーゼ。これら薬剤選択マーカーと使用される薬剤との組み合わせは、例えば、以下のとおりである：ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子 (DHFR) とメソトレキセート (MTX) との組み合わせ、グルタミンシンセターゼ (GS) 遺伝子とメチオニンスルホキシミン (Msx) との組み合わせ、アスパラギン酸トランスアミナーゼ (CAD) 遺伝子と N-ホスホンアセチル-L-アスパラギン酸 (N-phosphonacetyl-L-aspartate) (PALA) との組み合わせ、MT 遺伝子とカドミウム ( $Cd^{2+}$ ) との組み合わせ、アデノシンデアミナーゼ (ADA) 遺伝子とアデノシン、アラノシン、2'-デオキシコホルマイシンとの組み合わせ、アデノシンデアミナーゼ (AMPD1, 2) 遺伝子とアデニン、アザセリン、コホルマイシンとの組み合わせ、キサンチン-グアニン-ホスホリボシルトランスフェラーゼ遺伝子と、マイコフェノール酸との組み合わせ、UMP シンターゼ遺伝子と 6-アザウリジン、ピラゾフラン (pyrazofuran) との組み

合わせ、P-グリコプロテイン (P-gp, MDR) 遺伝子と多剤薬剤との組み合わせ、アスパギンシンターゼ (AS) 遺伝子と  $\beta$ -アスパルチルヒドロキサム酸またはアルビジン (albizzin) との組み合わせ、オルニチンデカルボキシラーゼ (ODC) 遺伝子と  $\alpha$ -ジフルオロメチルーオルニチン (DFMO)。

#### 【0057】

本明細書において使用する場合、「発現ベクター」は、構造遺伝子およびその発現を調節するプロモーターに加えて種々の調節エレメントが宿主の細胞中で作動し得る状態で連結されている核酸配列をいう。調節エレメントは、好ましくは、ターミネーター、薬剤耐性遺伝子（例えば、カナマイシン耐性遺伝子、ハイグロマイシン耐性遺伝子など）のような選択マーカーおよび、エンハンサーを含み得る。生物（例えば、植物）の発現ベクターのタイプおよび使用される調節エレメントの種類が、宿主細胞に応じて変わり得ることは、当業者に周知の事項である。植物の場合、本発明に用いる植物の発現ベクターはさらに T-DNA 領域を有し得る。T-DNA 領域は、特にアグロバクテリウムを用いてその植物を形質転換する場合に遺伝子の導入の効率を高める。

#### 【0058】

本明細書において使用する場合、「組換えベクター」とは、目的のポリヌクレオチド配列を目的の細胞へと移入させることができるベクターをいう。そのようなベクターとしては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞、動物個体および植物個体等の宿主細胞において自立複製が可能、または染色体中への組込みが可能で、本発明のポリヌクレオチドの転写に適した位置にプロモーターを含有しているものが例示される。

#### 【0059】

「ターミネーター」は、遺伝子のタンパク質をコードする領域の下流に位置し、DNA が mRNA に転写される際の転写の終結、ポリ A 配列の付加に関与する配列である。ターミネーターは、mRNA の安定性に関与して遺伝子の発現量に影響を及ぼすことが知られている。ターミネーターとしては、CaMV 35S ターミネーター、ノパリン合成酵素遺伝子のターミネーター (Tnos)、タバコ PR1a 遺伝子のターミネーターが挙げられるが、これに限定されない。

#### 【0060】

本明細書において用いられる「プロモーター」とは、遺伝子の転写の開始部位を決定し、またその頻度を直接的に調節する DNA の ORF 内の領域をいい、RNA ポリメラーゼが結合して転写を始める塩基配列である。プロモーターの領域は、通常、推定タンパク質コード領域の第 1 エキシンの上流約 2 kb 以内の領域であることが多いので、DNA 解析用ソフトウェアを用いてゲノム塩基配列中のタンパク質コード領域を予測すれば、プロモーター領域を推定することはできる。推定プロモーター領域は、構造遺伝子ごとに変動するが、通常構造遺伝子上流にあるが、これらに限定されず、構造遺伝子の下流にもあり得る。好ましくは、推定プロモーター領域は、第一エキソン翻訳開始点から上流約 2 kb 以内に存在する。

#### 【0061】

本明細書において、本発明のプロモーターの発現が「構成的」とあるとは、生物のすべての組織において、その生物の発生のいずれの段階にあってもほぼ一定の量で発現される性質をいう。具体的には、本明細書の実施例と同様の条件でノーザンブロット分析したとき、例えば、任意の時点で（例えば、2 点以上（例えば、5 日目および 15 日目））の同一または対応する部位のいずれにおいても、ほぼ同程度の発現量がみられるとき、本発明の定義上、発現が構成的であるという。構成的プロモーターは、通常の生育環境にある生物の恒常性維持に役割を果たしていると考えられる。これらの性質は、生物の任意の部分から RNA を抽出してノーザンブロット分析で発現量を分析することまたは発現されたタンパク質をウェスタンブロットにより定量することにより決定することができる。

#### 【0062】

「エンハンサー」は、目的遺伝子の発現効率を高めるために用いられ得る。動物細胞において使用する場合、エンハンサーとしては、SV40 プロモーター内の上流側の配列を



含むエンハンサー領域が好ましい。エンハンサーは複数個用いられ得るが1個用いられてもよいし、用いなくともよい。

#### 【0063】

本明細書において使用する場合、「作動可能に連結された(る)」とは、所望の配列の発現(作動)がある転写翻訳調節配列(例えば、プロモーター、エンハンサーなど)または翻訳調節配列の制御下に配置されることをいう。プロモーターが遺伝子に作動可能に連結されるためには、通常、その遺伝子のすぐ上流にプロモーターが配置されるが、必ずしも隣接して配置される必要はない。

#### 【0064】

本発明において使用する場合、用語「形質転換」、「形質導入」および「トランスフェクション」は、特に言及しない限り互換可能に使用され、宿主細胞への核酸の導入を意味する。形質転換方法としては、宿主細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法、パーティクルガン(遺伝子銃)を用いる方法、リン酸カルシウム法などの種々の周知の技術が挙げられる。

#### 【0065】

「形質転換体」とは、形質転換によって作製された細胞などの生命体の全部または一部をいう。形質転換体としては、原核細胞、酵母、動物細胞、植物細胞、昆虫細胞等が例示される。形質転換体は、その対象に依存して、形質転換細胞、形質転換組織、形質転換宿主などともいわれ、本明細書においてそれらの形態をすべて包含するが、特定の文脈において特定の形態を指し得る。

#### 【0066】

原核細胞としては、エシェリヒア属、セラチア属、バチルス属、ブレヴィバクテリウム属、コリネバクテリウム属、ミクロバクテリウム属、シュドモナス属等に属する原核細胞、例えば、*Escherichia coli* XL1-Blue、*Escherichia coli* XL2-Blue、*Escherichia coli* DH1、*Escherichia coli* MC1000、*Escherichia coli* K Y3276、*Escherichia coli* W1485、*Escherichia coli* JM109、*Escherichia coli* HB101、*Escherichia coli* No. 49、*Escherichia coli* W3110、*Escherichia coli* NY49、*Escherichia coli* BL21(DE3)、*Escherichia coli* BL21(DE3) pLys S、*Escherichia coli* HMS174(DE3)、*Escherichia coli* HMS174(DE3) pLys S、*Serratia ficaria*、*Serratia fonticola*、*Serratia liquefaciens*、*Serratia marcescens*、*Bacillus subtilis*、*Bacillus amyloliquefaciens*、*Brevibacterium ammoniagenes*、*Brevibacterium immariophilum* ATCC14068、*Brevibacterium saccharolyticum* ATCC14066、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032、*Corynebacterium glutamicum* ATCC14067、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13869、*Corynebacterium acetoacidophilum* ATCC13870、*Microbacterium ammoniaphilum* ATCC15354、*Pseudomonas* sp. D-0110などが例示される。

#### 【0067】

動物細胞としては、ヒト・MRC-5細胞、ヒト・HEL細胞、ヒト・WI-38細胞、マウス・ミエローマ細胞、ラット・ミエローマ細胞、ヒト・ミエローマ細胞、マウス・ハイブリドーマ細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞、BHK細胞、アフリカミドリザル腎臓細胞、ヒト白血病細胞、HBT5637(特開昭63-299)、ヒト大腸癌細胞株などを挙げることができる。マウス・ミエローマ細胞としては、p s

20、NSOなど、ラット・ミエローマ細胞としてはYB2/0など、ヒト胎児腎臓細胞としてはHEK293 (ATCC:CRL-1573) など、ヒト白血病細胞としてはBALL-1など、アフリカミドリザル腎臓細胞としてはCOS-1、COS-7、Vero細胞、ヒト大腸癌細胞株としてはHCT-15などが例示される。

#### 【0068】

本明細書において「動物」は、当該分野において最も広義で用いられ、脊椎動物および無脊椎動物を含む。動物としては、哺乳綱、鳥綱、爬虫綱、両生綱、魚綱、昆虫綱、蠕虫綱などが挙げられるがそれらに限定されない。

#### 【0069】

本明細書において、生物の「組織」とは、細胞の集団であって、その集団において一定の同様の作用を有するものをいう。従って、組織は、臓器（器官）の一部であり得る。臓器（器官）内では、同じ働きを有する細胞を有することが多いが、微妙に異なる働きを有するものが混在することもあることから、本明細書において組織は、一定の特性を共有する限り、種々の細胞を混在して有していてもよい。

#### 【0070】

本明細書において、「器官（臓器）」とは、1つ独立した形態をもち、1種以上の組織が組み合わさって特定の機能を営む構造体を形成したものをいう。植物では、カルス、根、茎、幹、葉、花、種子、胚芽、胚、果実などが挙げられるがそれらに限定されない。動物では、胃、肝臓、腸、脾臓、肺、気管、鼻、心臓、動脈、静脈、リンパ節（リンパ管系）、胸腺、卵巣、眼、耳、舌、皮膚等が挙げられるがそれらに限定されない。

#### 【0071】

本明細書において、「トランスジェニック」とは、特定の遺伝子がある生物に組み込むことまたはそのような遺伝子が組み込まれた生物（例えば、植物または動物（マウスなど）を含む）をいう。

#### 【0072】

本発明の生物が、動物の場合、トランスジェニック生物は、マイクロインジェクション法（微量注入法）、ウイルスベクター法、ES細胞法（胚性幹細胞法）、精子ベクター法、染色体断片を導入する方法（トランスゾミック法）、エピゾーム法などを利用したトランスジェニック動物の作製技術を使用して作製することができる。そのようなトランスジェニック動物の作成技術は当該分野において周知である。

#### 【0073】

本明細書において使用される場合、「スクリーニング」とは、目的とするある特定の性質をもつ物質、あるいは宿主細胞またはウイルスなどを、特定の操作および／または評価方法で多数の候補から選抜することをいう。本発明では、所望の活性を有するスクリーニングによって得られたウイルスもまた、本発明の範囲内に包含されることが理解される。

#### 【0074】

本明細書において「チップ」または「マイクロチップ」は、互換可能に用いられ、多様の機能をもち、システムの一部となる超小型集積回路をいう。チップとしては、例えば、DNAチップ、プロテインチップ、細胞チップなどが挙げられるがそれらに限定されない。

#### 【0075】

本明細書において「アレイ」とは、1以上（例えば、1000以上）の標的物質を含む組成物（例えば、DNA、タンパク質、細胞）が整列されて配置されたパターンまたはパターンを有する基板（例えば、チップ）そのものをいう。アレイの中で、小さな基板（例えば、10×10mm上など）上にパターン化されているものはマイクロアレイというが、本明細書では、マイクロアレイとアレイとは互換可能に使用される。従って、上述の基板より大きなものにパターン化されたものでもマイクロアレイと呼ぶことがある。例えば、アレイはそれ自身固相表面または膜に固定されている所望の細胞のセットで構成される。アレイは好ましくは同一のまたは異なるウイルスを含む細胞を少なくとも $10^2$ 個、より好ましくは少なくとも $10^3$ 個、およびさらに好ましくは少なくとも $10^4$ 個、さらに

より好ましくは少なくとも $10^5$ 個を含む。これらの細胞は、好ましくは表面が $125 \times 80$  mm、より好ましくは $10 \times 10$  mm上に配置される。形式としては、96ウェルマイクロタイタープレート、384ウェルマイクロタイタープレートなどのマイクロタイタープレートの大きさのものから、スライドグラス程度の大きさのものが企図される。固定される標的物質を含む組成物は、1種類であっても複数種類であってもよい。そのような種類の数は、1個～スポット数までの任意の数であり得る。例えば、約10種類、約100種類、約500種類、約1000種類の標的物質を含む組成物が固定され得る。

#### 【0076】

基板のような固相表面または膜には、上述のように任意の数の標的物質（例えば、細胞のような生体分子）が配置され得るが、通常、基板1つあたり、 $10^8$ 個の生体分子まで、他の実施形態において $10^7$ 個の生体分子まで、 $10^6$ 個の生体分子まで、 $10^5$ 個の生体分子まで、 $10^4$ 個の生体分子まで、 $10^3$ 個の生体分子まで、または $10^2$ 個の生体分子までの個の生体分子が配置され得るが、 $10^8$ 個の生体分子を超える標的物質を含む組成物が配置されていてもよい。これらの場合において、基板の大きさはより小さいことが好ましい。特に、標的物質を含む組成物（例えば、細胞）のスポットの大きさは、単一の生体分子のサイズと同じ小さくあり得る（これは、 $1-2$  nmの桁であり得る）。最小限の基板の面積は、いくつかの場合において基板上の生体分子の数によって決定される。

#### 【0077】

アレイ上には、生体分子の「スポット」が配置され得る。本明細書において「スポット」とは、標的物質を含む組成物の一定の集合をいう。本明細書において「スポットティング」とは、ある標的物質を含む組成物のスポットをある基板またはプレートに作製することをいう。スポットティングはどのような方法でも行うことができ、例えば、ピペッティングなどによって達成され得、あるいは自動装置で行うこともでき、そのような方法は当該分野において周知である。

#### 【0078】

本明細書において使用される用語「アドレス」とは、基板上のユニークな位置をいい、他のユニークな位置から弁別可能であり得るものをいう。アドレスは、そのアドレスを伴うスポットとの関連づけに適切であり、そしてすべての各々のアドレスにおける存在物が他のアドレスにおける存在物から識別され得る（例えば、光学的）、任意の形状を採り得る。アドレスを定める形は、例えば、円状、楕円状、正方形、長方形であり得るか、または不規則な形であり得る。したがって、「アドレス」は、抽象的な概念を示し、「スポット」は具体的な概念を示すために使用され得るが、両者を区別する必要がない場合、本明細書においては、「アドレス」と「スポット」とは互換的に使用され得る。

#### 【0079】

各々のアドレスを定めるサイズは、とりわけ、その基板の大きさ、特定の基板上のアドレスの数、標的物質を含む組成物の量および／または利用可能な試薬、微粒子のサイズおよびそのアレイが使用される任意の方法のために必要な解像度の程度に依存する。大きさは、例えば、 $1-2$  nmから数cmの範囲であり得るが、そのアレイの適用に一致した任意の大きさが可能である。

#### 【0080】

アドレスを定める空間配置および形状は、そのマイクロアレイが使用される特定の適用に適合するように設計される。アドレスは、密に配置され得、広汎に分散され得るか、または特定の型の分析物に適切な所望のパターンへとサブグループ化され得る。

#### 【0081】

本明細書において使用される場合、「支持体」とは、細胞、細菌、ウイルス、ポリヌクレオチドまたはポリペプチドを担持することができる物質をいう。支持体の材料としては、共有結合かまたは非共有結合のいずれかで、本発明において使用される細胞などに結合する特性を有するかまたはそのような特性を有するように誘導体化され得る、任意の固体材料が挙げられる。



## 【 0 0 8 2 】

支持体として使用するための材料には、固体表面を形成し得る任意の物質が使用され得るが、例えば、ガラス、シリカ、シリコン、セラミック、二酸化珪素、プラスチック、金属（合金も含まれる）、天然および合成のポリマー（例えば、ポリスチレン、セルロース、キトサン、デキストラン、およびナイロン）以下が挙げられるがそれらに限定されない。好ましくは、支持体は、疎水性結合を行う部分を含む。支持体は、複数の異なる材料の層から形成されていてもよい。例えば、ガラス、石英ガラス、アルミナ、サファイア、フォルステライト、炭化珪素、酸化珪素、窒化珪素などの無機材料を使用できる。また、ポリエチレン、エチレン、ポリプロピレン、ポリイソブチレン、ポリエチレンテレフタレート、不飽和ポリエステル、含フッ素樹脂、ポリ塩化ビニル、ポリ塩化ビニリデン、ポリ酢酸ビニル、ポリビニルアルコール、ポリビニルアセタール、アクリル樹脂、ポリアクリロニトリル、ポリスチレン、アセタール樹脂、ポリカーボネート、ポリアミド、フェノール樹脂、尿素樹脂、エポキシ樹脂、メラミン樹脂、スチレン・アクリロニトリル共重合体、アクリロニトリルブタジエンスチレン共重合体、シリコーン樹脂、ポリフェニレンオキサイド、ポリスルホン等の有機材料を用いることができる。あるいは、支持体として、ニトロセルロース膜、P V D F 膜など、ブロッティングに使用される膜を用いることもできる。

## 【 0 0 8 3 】

本発明の水痘帯状疱疹ウイルスは、感染症の処置、予防、および／または治療のための薬学的組成物の成分としても使用することが可能である。

## 【 0 0 8 4 】

本明細書において薬剤の「有効量」とは、その薬剤が目的とする薬効が発揮することができる量をいう。本明細書において、そのような有効量のうち、最小の濃度を最小有効量ということがある。そのような最小有効量は、当該分野において周知であり、通常、薬剤の最小有効量は当業者によって決定されているか、または当業者は適宜決定することができる。そのような有効量の決定には、実際の投与のほか、動物モデルなどを用いることも可能である。本発明はまた、このような有効量を決定する際に有用である。

## 【 0 0 8 5 】

本明細書において「薬学的に受容可能なキャリア」は、医薬または動物薬のような農薬を製造するとき使用される物質であり、有効成分に有害な影響を与えないものをいう。そのような薬学的に受容可能なキャリアとしては、例えば、以下が挙げられるがそれらに限定されない：抗酸化剤、保存剤、着色料、風味料、および希釈剤、乳化剤、懸濁化剤、溶媒、フィラー、増量剤、緩衝剤、送達ビヒクル、賦形剤および／または農学的もしくは薬学的アジュバント。

## 【 0 0 8 6 】

本発明の処置方法において使用される薬剤の種類および量は、本発明の方法によって得られた情報（例えば、疾患に関する情報）を元に、使用目的、対象疾患（種類、重篤度など）、患者の年齢、体重、性別、既往歴、投与される被検体の部位の形態または種類などを考慮して、当業者が容易に決定することができる。本発明のモニタリング方法を被検体（または患者）に対して施す頻度もまた、使用目的、対象疾患（種類、重篤度など）、患者の年齢、体重、性別、既往歴、および治療経過などを考慮して、当業者が容易に決定することができる。疾患状態をモニタリングする頻度としては、例えば、毎日一数ヶ月に1回（例えば、1週間に1回－1ヶ月に1回）のモニタリングが挙げられる。1週間－1ヶ月に1回のモニタリングを、経過を見ながら施すことが好ましい。

## 【 0 0 8 7 】

本明細書において「指示書」は、本発明の治療方法などを医師、患者など投与を行う人に対して記載したものである。この指示書は、本発明の医薬などを例えば、放射線治療直後または直前（例えば、24時間以内など）に投与することを指示する文言が記載されている。この指示書は、本発明が実施される国の監督官庁（例えば、日本であれば厚生労働省、米国であれば食品医薬品局（F D A）など）が規定した様式に従って作成され、その

監督官庁により承認を受けた旨が明記される。指示書は、いわゆる添付文書 (package insert) であり、通常は紙媒体で提供されるが、それに限定されず、例えば、電子媒体 (例えば、インターネットで提供されるホームページ、電子メール) のような形態でも提供され得る。

#### 【0088】

必要に応じて、本発明の治療では、2種類以上の薬剤が使用され得る。2種類以上の薬剤を使用する場合、類似の性質または由来の物質を使用してもよく、異なる性質または由来の薬剤を使用してもよい。このような2種類以上の薬剤を投与する方法のための疾患レベルに関する情報も、本発明の方法によって入手することができる。

#### 【0089】

本発明では、いったん類似の種類 (例えば、ヒトに対するマウスなど) の生物、培養細胞、組織などに関し、ある特定の糖鎖構造の分析結果と、疾患レベルとが相関付けられた場合、対応する糖鎖構造の分析結果と、疾患レベルとが相関付けることができることは、当業者は容易に理解する。そのような事項は、例えば、動物培養細胞マニュアル、瀬野ら編著、共立出版、1993年などに記載され支持されており、本明細書においてこのすべての記載を援用する。

#### 【0090】

(本明細書において用いられる一般的技術)

本明細書において使用される技術は、そうではないと具体的に指示しない限り、当該分野の技術範囲内にある、糖鎖科学、マイクロフレイディクス、微細加工、有機化学、生化学、遺伝子工学、分子生物学、微生物学、遺伝学および関連する分野における周知慣用技術を使用する。そのような技術は、例えば、以下に列挙した文献および本明細書において他の場所において引用した文献においても十分に説明されている。

#### 【0091】

微細加工については、例えば、Campbell, S. A. (1996). The Science and Engineering of Microelectronic Fabrication, Oxford University Press; Zaut, P. V. (1996). Micromicroarray Fabrication: a Practical Guide to Semiconductor Processing, Semiconductor Services; Madou, M. J. (1997). Fundamentals of Microfabrication, CRC Press; Rai-Choudhury, P. (1997). Handbook of Microlithography, Micromachining, & Microfabrication: Microlithographyなどに記載されており、これらは本明細書において関連する部分が参考として援用される。

#### 【0092】

本明細書において用いられる分子生物学的手法、生化学的手法、微生物学的手法、糖鎖科学的手法は、当該分野において周知であり慣用されるものであり、例えば、Maniatis, T. et al. (1989). Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harborおよびその3rd Ed. (2001); Ausubel, F. M., et al. eds, Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons Inc., NY, 10158 (2000); Innis, M. A. (1990). PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications, Academic Press; Innis, M. A. et al. (1995). PCR Strategies, Academic Press; Sninsky, J. J. et al. (1999). PCR Applications: Protocols for Functional Genomics, Academic Press; Gait, M. J. (1985). Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach

ach, IRL Press; Gait, M. J. (1990). Oligonucleotide Synthesis: A Practical Approach, IRL Press; Eckstein, F. (1991). Oligonucleotides and Analogues: A Practical Approach, IRL Press; Adams, R. L. et al. (1992). The Biochemistry of the Nucleic Acids, Chapman & Hall; Shabarova, Z. et al. (1994). Advanced Organic Chemistry of Nucleic Acids, Weinheim; Blackburn, G. M. et al. (1996). Nucleic Acids in Chemistry and Biology, Oxford University Press; Hermanson, G. T. (1996). Bioconjugate Techniques, Academic Press; Method in Enzymology 230、242、247、Academic Press、1994; 別冊実験医学「遺伝子導入&発現解析実験法」羊土社、1997などに記載されており、これらは本明細書において関連する部分（全部であり得る）が参考として援用される。

#### 【0093】

(好ましい実施形態の説明)

以下に好ましい実施形態の説明を記載するが、この実施形態は本発明の例示であり、本発明の範囲はそのような好ましい実施形態に限定されないことが理解されるべきである。当業者はまた、以下のような好ましい実施例を参考にして、本発明の範囲内にある改変、変更などを容易に行うことができることが理解されるべきである。

#### 【0094】

1つの局面において、本発明は、組換え水痘带状疱疹ウイルスを提供する。好ましくは、この水痘带状疱疹ウイルスは、そのゲノム配列中にBACベクター配列を含む。BACベクター配列を含む水痘带状疱疹ウイルスゲノムを構築することによって、BAC分子として細菌内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムを取り扱うことが可能となる。使用されるBACベクター配列は、好ましくは、Fプラスミド由来の複製開始点を含むが、Fプラスミド由来の複製開始点以外の配列であってもよく、300kb以上の配列を細菌人工染色体として細菌細胞内において保持および増殖が可能である限り、任意の複製開始点を利用することができる。本発明のBACベクターは、細菌宿主細胞、好ましくは、大腸菌細胞において保持、および／または増幅することが可能である。好ましくは、このBACベクターの一部は、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの非必須領域内に挿入され、水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACとして操作が可能になる。この水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACは、哺乳動物細胞に導入された場合、組換え水痘带状疱疹ウイルスを産生、増殖することが可能である。組換え水痘带状疱疹ウイルスの宿主細胞としては、野生型水痘带状疱疹ウイルス株が増殖し得る任意の哺乳動物細胞を使用することができる。好ましくは、この宿主細胞は、ヒト由来であり、限定されることはないが、例えば、ヒト・MRC-5細胞、ヒト・HEL細胞、ヒト・WI-38細胞である。

#### 【0095】

(水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターの作製方法)

水痘带状疱疹ウイルスゲノムと、BACベクターを用いて、水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターを作製するためには、相同組換えを用いる方法など、種々の周知の方法を使用することが可能である。

#### 【0096】

相同組換えを用いる方法としては、水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同な配列を連結した環状BACベクター配列を有する核酸を用いる方法が挙げられる。

#### 【0097】

水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同な配列を連結した環状BACベクター配列を有する核酸を用いる、水痘带状疱疹ウイルスゲノムを含むBACベクターの作製方法は、代表的



には、(1) その核酸を、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムとともに、宿主内（例えば、ヒト株化細胞内）に導入し、(2) 宿主細胞を培養して、環状BACベクター配列に連結された相同配列と、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム配列との間で相同組換えを起こし、(3) この相同組換えによって生じた、BACベクター配列を組み込んだ水痘帯状疱疹ウイルスゲノム配列を含む宿主細胞を選択し、(4) その宿主細胞を培養して、環状ウイルスDNAを抽出する、という工程を包含する。

#### 【0098】

また、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと、BAC配列を用いて、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含むBACを作製するためには、相同組換えを用いることなく、核酸の制限酵素断片を用いるなどの、種々の周知の方法を使用することも可能である。

#### 【0099】

水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内において、BACベクター配列を導入するための非必須領域は、以下の領域からなる群から選択される：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

#### 【0100】

好ましくは、この非必須領域は、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域である。なぜなら、遺伝子11と遺伝子12は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム上で連続する非必須遺伝子であるため、相同組換えのための核酸を設計し易いからである。あるいは、BACベクター配列の一部は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子62のORF内の領域に挿入されていてもよい。

#### 【0101】

本発明において使用されるBACベクター配列は、好ましくは、組換えタンパク質依存性組換え配列、および／または選択マーカを含む。好ましくは、選択マーカ配列は薬剤選択マーカ、および／またはグリーン蛍光タンパク質をコードする遺伝子である。なぜなら、簡便に所望の遺伝子の存在を確認できるからである。

#### 【0102】

本発明において出発物質として使用される水痘带状疱疹ウイルスは、野生株由来であっても、変異株由来であってもよい。好ましくは、出発物質としての水痘带状疱疹ウイルスは、弱毒化されたウイルス、例えば、Ok a ワクチン株または遺伝子 62 に変異を有する水痘带状疱疹ウイルスを用いる。弱毒化した水痘带状疱疹ウイルスとしては、以下からなる群から選択される遺伝子 62 の変異の 1 つ、または 2 つ以上の変異の組み合わせを有するウイルスが挙げられる：

- (a) 2 1 1 0 番塩基が G ；
- (b) 3 1 0 0 番塩基が G ；
- (c) 3 8 1 8 番塩基が C ；
- (d) 4 0 0 6 番塩基が G ；
- (e) 1 2 5 1 番塩基が G ；
- (f) 2 2 2 6 番塩基が G ；
- (g) 3 6 5 7 番塩基が G ；
- (h) 1 6 2 番塩基が C ；
- (i) 2 2 5 番塩基が C ；
- (j) 5 2 3 番塩基が C ；
- (k) 1 5 6 5 番塩基が C ；
- (l) 1 7 6 3 番塩基が C ；
- (m) 2 6 5 2 番塩基が C ；
- (n) 4 0 5 2 番塩基が C ；および
- (o) 4 1 9 3 番塩基が C 。

#### 【0103】

本発明のさらなる局面において、上記ウイルスを製造するために使用されるベクター、および上記ウイルスの製造方法もまた提供される。本発明の別の局面において、上記ウイルスを含む薬学的組成物、およびワクチンの形態である薬学的組成物が提供される。

#### 【0104】

本明細書の組換え水痘带状疱疹ウイルスは、ワクチンとして有用である。なぜなら、野生型ウイルスと同様の構造を有するタンパク質を多数含むからである。

#### 【0105】

本発明のさらなる局面において、本発明のワクチンを産生するためのベクターに変異を導入する方法が提供される。この方法は、以下の工程：該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該フラグメントは少なくとも 1 つの変異を有する、工程；該細菌宿主細胞を培養する工程；該培養した細菌宿主細胞から、BAC ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する。上記方法においては、細菌宿主細胞内において、本発明のワクチンを産生するためのベクターと水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターとの間で相同組換えが起こり、その結果、本発明のワクチンを産生するためのベクターが、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメント上の変異を有する。

#### 【0106】

上記の方法において、ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程としては、エレクトロポレーションなどの種々の周知の方法を使用することが可能である。同様にして、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターを細菌宿主細胞に導入することができる。また、このフラグメントに変異を導入する方法としては、PCR を用いる変異導入方法が周知であり、例えば、プルーフリーディング機能を有さない耐熱性ポリメラーゼを 4 つのヌクレオチドの 1 つが少ない条件で用いることによって、ランダムに変異を導入することが可能である。また、変異塩基配列を有するプライマーを用いて PCR を行うことによって、所望の位置に所望の変異を導入することも可能である。この細菌細胞を培養することによって、本発明のワクチンを産生するためのベクターと水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメントを含むプラスミドベクターとの



間で相同組換えが起こり、その結果、本発明のワクチンを産生するためのベクターが、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなるフラグメント上の変異を有する。細菌宿主細胞から BAC ベクター配列を調製するためには、アルカリ法のような種々の周知の方法および市販のキットを使用することが可能である。

#### 【0107】

本発明の別の局面において、本発明のワクチンを産生するためのベクターに変異を導入するさらなる方法が提供される。この方法は、以下の工程：該ベクターを細菌宿主細胞に導入する工程；水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第1のフラグメントを含む第1のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第1のフラグメントは少なくとも1つの変異を有する、工程；水痘带状疱疹ウイルスゲノムの一部からなる第2のフラグメントを含む第2のプラスミドベクターを該細菌宿主細胞に導入する工程であって、ここで、該第2のフラグメントは少なくとも1つの変異を有し、そして該第2のフラグメントは該第1のフラグメントとは異なる、工程；該細菌宿主細胞を培養する工程；該培養した細菌宿主細胞から、BAC ベクター配列を有するベクターを単離する工程、を包含する。

#### 【0108】

本発明の一つの局面において、本発明のワクチンを製造するために使用され得る核酸カセットが提供される。この核酸カセットは、好ましくは、細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第1のフラグメント、BAC ベクター配列、および細菌細胞内において水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得る第2のフラグメントを含む核酸カセットであって、ここで、該BAC配列の両端の各々がそれぞれ第1のフラグメントおよび第2のフラグメントと連結している。ここで、第1のフラグメントおよび第2のフラグメントは、好ましくは、少なくとも1 kb、少なくとも1.5 kb、少なくとも2 kbである。この第1のフラグメントおよび第2のフラグメントは、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの配列に対して、好ましくは、少なくとも80%同一、少なくとも85%同一、少なくとも90%同一、少なくとも95%同一である。

#### 【0109】

好ましくは、この第1および第2のフラグメントが、各々独立して水痘带状疱疹ウイルスゲノムの以下の領域からなる群から選択される領域由来であるか、以下の領域からなる群から選択される領域と少なくとも80%、85%、90%、95%同一である：

遺伝子7のORF内の領域、遺伝子8のORF内の領域、遺伝子9のORF内の領域、遺伝子10のORF内の領域、遺伝子11のORF内の領域、遺伝子12のORF内の領域、遺伝子13のORF内の領域、遺伝子14のORF内の領域、遺伝子15のORF内の領域、遺伝子17のORF内の領域、遺伝子18のORF内の領域、遺伝子19のORF内の領域、遺伝子38のORF内の領域、遺伝子39のORF内の領域、遺伝子46のORF内の領域、遺伝子47のORF内の領域、遺伝子48のORF内の領域、遺伝子49のORF内の領域、遺伝子50のORF内の領域、遺伝子56のORF内の領域、遺伝子57のORF内の領域、遺伝子58のORF内の領域、遺伝子59のORF内の領域、遺伝子61のORF内の領域、遺伝子62のORF内の領域、遺伝子63のORF内の領域、遺伝子64のORF内の領域、遺伝子65のORF内の領域、遺伝子66のORF内の領域、遺伝子67のORF内の領域、遺伝子68のORF内の領域、遺伝子69のORF内の領域、遺伝子70のORF内の領域、遺伝子7のORFに隣接する領域、遺伝子8のORFに隣接する領域、遺伝子9のORFに隣接する領域、遺伝子10のORFに隣接する領域、遺伝子11のORFに隣接する領域、遺伝子12のORFに隣接する領域、遺伝子13のORFに隣接する領域、遺伝子14のORFに隣接する領域、遺伝子15のORFに隣接する領域、遺伝子17のORFに隣接する領域、遺伝子18のORFに隣接する領域、遺伝子19のORFに隣接する領域、遺伝子38のORFに隣接する領域、遺伝子39のORFに隣接する領域、遺伝子46のORFに隣接する領域、遺伝子47のORFに隣接する領域、遺伝子48のORFに隣接する領域、遺伝子49のORFに隣接する領域、遺伝子50のORFに隣接する領域、遺伝子56のORFに隣接する領域、遺伝子



57のORFに隣接する領域、遺伝子58のORFに隣接する領域、遺伝子59のORFに隣接する領域、遺伝子61のORFに隣接する領域、遺伝子62のORFに隣接する領域、遺伝子63のORFに隣接する領域、遺伝子64のORFに隣接する領域、遺伝子65のORFに隣接する領域、遺伝子66のORFに隣接する領域、遺伝子67のORFに隣接する領域、遺伝子68のORFに隣接する領域、遺伝子69のORFに隣接する領域、および遺伝子70のORFに隣接する領域。

#### 【0110】

好ましくは、この第1および第2のフラグメントは、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの異なる領域に由来する。この第1および第2のフラグメントは、各々独立して、遺伝子11のORFに隣接する領域または遺伝子12のORFに隣接する領域由来であってもよい。好ましくは、相同組換えを制御し、そして所望の遺伝子を簡便に検出するために、BACベクター配列は組換えタンパク質依存性組換え配列、および／または選択マーカを含む。この選択マーカは薬剤選択マーカであっても、グリーン蛍光タンパク質のような蛍光タンパク質をコードする遺伝子であってもよい。代表的には、このBACベクター配列は、配列番号2に記載の核酸配列を有し、核酸カセットは、配列番号2に記載の核酸配列を有する。

#### 【0111】

(変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルスの調製)

本発明の方法を用いて、変異導入した水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを有する変異型水痘帯状疱疹ウイルスを、簡便に調製することが可能である。

#### 【0112】

そのような変異導入は、例えば、以下の方法を用いて行うことができる：大腸菌内に、(a) VZV-BAC-DNAプラスミド、および(b) 変異核酸として、任意の変異を有する水痘帯状疱疹ウイルスゲノムの部分配列を持つシャトルベクターまたはPCR産物、を導入する。VZV-BAC-DNAプラスミドと、その変異核酸との間で組換えを起こすことによって、VZV-BAC-DNAプラスミドに変異を導入することができる。また、トランスポゾンを用いることによって、ランダムに変異を導入することが可能である。そして変異が導入されたVZV-BAC-DNAプラスミドは、大腸菌内で容易に選択および増幅させることができる。そして、変異を持つVZV-BAC-DNAからウイルスを産出させることによって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを得ることができる(Markus Wagner, TRENDS in Microbiology, Vol. 10, No. 7, 2002年7月)。その具体例を以下に列挙する：

(1) 変異核酸として、変異水痘帯状疱疹ウイルス遺伝子を含む温度感受性シャトルベクターを用いる場合；

第1に、シャトルベクターとVZV-BAC-DNAプラスミドを、第1の相同的領域を介して、組換えさせ、シャトルベクターとVZV-BAC-DNAプラスミドとが連結した、共挿入体を生じる。次に、シャトルベクターの複製オリジンが温度感受性であることから、シャトルプラスミドが除かれる。第2の組換え事象において、共挿入された部分を取り除かれる。第2の組換え事象が、第1の相同的領域を介して生じる場合、組換えに使用したVZV-BAC-DNAと同一の配列を有するプラスミドが生成される。これに対して、第2の組換え事象が、第1の相同領域とは異なる第2の相同領域を介して生じる場合、シャトルベクター上の変異を有する変異型VZV-BAC-DNAプラスミドが得られる。第1の相同領域と、第2の相同領域とがほぼ同じ長さである場合、第2の組換え事象が第2の相同領域で起こる確率は、第2の組換え事象が第1の相同領域で起こる確率とほぼ同じである。そのため、得られるVZV-BAC-DNAプラスミドの、約2分の1が組換えに用いた配列と同一の配列を有するプラスミドであり、約2分の1がシャトルベクターに導入した変異を有するプラスミドである。

(2) 直鎖状DNAフラグメントを用いる場合；

この方法では、例えば、プロファージRac由来のrecETの組換え機能を用いるか、またはバクテリオファージλ由来のred $\alpha$  $\beta$ の組換え機能を利用し、直鎖状DNAフ

ラグメントを用いて、環状 V Z V - B A C - D N A 分子に変異を導入する。具体的には、標的配列に隣接する選択マーカーおよび相同配列を含む直鎖状 D N A フラグメントを、V Z V - B A C - D N A とともに、相同組換えを生じ得る大腸菌に導入する。大腸菌内での直鎖状 D N A の分解を避けるために、エクソヌクレアーゼ欠損の大腸菌を使用するか、またはバクテリオファージ由来のエクソヌクレアーゼ阻害剤である *red $\gamma$*  (*gam*) を発現させることが好ましい。直鎖状 D N A は、その両端に V Z V - B A C - D N A プラスミドと相同な領域を有する。その相同な領域を介して相同組換えを生じることによって、直鎖状 D N A フラグメント内の所望の配列を V Z V - B A C - D N A 内に導入することができる。*rec E T*、または *red $\alpha\beta$*  組換え機能を使用する場合、これらの組換え機能は、25～50ヌクレオチド程度の長さの相同配列によって相同組換えを生じることから、*rec A* 媒介性相同組換えよりも、簡便に使用することができる。

(3) トランスポゾンを用いる場合；

トランスポゾンエレメントが大腸菌内の核酸にランダムに挿入する機能を用いる。例えば、トランスポゾンエレメントと V Z V - B A C - D N A を大腸菌に導入し、V Z V - B A C - D N A 内にランダムにトランスポゾンエレメントを挿入することによって、挿入変異を生じる。

#### 【0113】

さらに、例えば、V Z V - B A C - D N A のような組換え水痘帯状疱疹ウイルスを有する宿主細胞自体を、変異剤（例えば、ニトロソグアニジン）によって処置をすることによって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスゲノム内にランダムな変異を導入することも可能である。

#### 【0114】

(処方)

本発明はまた、有効量の治療剤・予防剤の被験体への投与・接種による、疾患または障害（例えば、感染症）の処置および／または予防の方法を提供する。治療剤・予防剤は、薬学的に受容可能なキャリア型（例えば、滅菌キャリア）と組み合わせた、本発明の組成物を意味する。

#### 【0115】

治療剤・予防剤を、個々の患者の臨床状態（特に、治療剤・予防剤単独処置の副作用）、送達部位、投与方法、投与計画および当業者に公知の他の因子を考慮に入れ、医療実施基準（GMP = *g o o d m e d i c a l p r a c t i c e*）を遵守する方式で処方および投薬する。従って、本明細書において目的とする「有効量」は、このような考慮を行って決定される。

#### 【0116】

一般的提案として、用量当り、非経口的に投与される治療剤・予防剤の合計薬学的有効量は、患者体重の、約  $1\mu\text{g}/\text{kg}/\text{日}$  ～  $10\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$  の範囲にあるが、上記のようにこれは治療的裁量に委ねられる。さらに好ましくは、本発明の細胞生理活性物質について、この用量は、少なくとも  $0.01\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$ 、最も好ましくはヒトに対して約  $0.01\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$  と約  $1\text{mg}/\text{kg}/\text{日}$  との間である。連続投与する場合、代表的には、治療剤・予防剤を約  $1\mu\text{g}/\text{kg}/\text{時間}$  ～ 約  $50\mu\text{g}/\text{kg}/\text{時間}$  の投薬速度で1日に1～4回の注射かまたは連続皮下注入（例えばミニポンプを用いる）のいずれかにより投与する。静脈内用バッグ溶液もまた使用し得る。変化を観察するために必要な処置期間および応答が生じる処置後の間隔は、所望の効果に応じて変化するようである。

#### 【0117】

治療剤・予防剤を、経口的、直腸内、非経口的、槽内（*i n t r a c i s t e m a l l y*）、膣内、腹腔内、局所的（粉剤、軟膏、ゲル、点滴剤、または経皮パッチによるなど）、口内あるいは経口または鼻腔スプレーとして投与し得る。「薬学的に受容可能なキャリア」とは、非毒性の固体、半固体または液体の充填剤、希釈剤、被包材または任意の型の処方補助剤をいう。本明細書で用いる用語「非経口的」とは、静脈内、筋肉内、腹腔内、胸骨内、皮下および関節内の注射および注入を含む投与の様式をいう。



## 【0 1 1 8】

本発明の治療剤・予防剤はまた、徐放性システムにより適切に投与される。徐放性治療剤・予防剤の適切な例は、経口的、直腸内、非経口的、槽内 (intracisternally)、腔内、腹腔内、局所的 (粉剤、軟膏、ゲル、点滴剤、または経皮パッチによるなど)、口内あるいは経口または鼻腔スプレーとして投与され得る。「薬学的に受容可能なキャリア」とは、非毒性の固体、半固体または液体の充填剤、希釈剤、被包材または任意の型の処方補助剤をいう。本明細書で用いる用語「非経口的」とは、静脈内、筋肉内、腹腔内、胸骨内、皮下および関節内の注射および注入を含む投与の様式をいう。

## 【0 1 1 9】

非経口投与のために、1つの実施態様において、一般に、治療剤・予防剤は、それを所望の程度の純度で、薬学的に受容可能なキャリア、すなわち用いる投薬量および濃度でレシピエントに対して毒性がなく、かつ処方物の他の成分と適合するものと、単位投薬量の注射可能な形態 (溶液、懸濁液または乳濁液) で混合することにより処方される。例えば、この処方物は、好ましくは、酸化、および治療剤・予防剤に対して有害であることが知られている他の化合物を含まない。

## 【0 1 2 0】

一般に、治療剤・予防剤を液体キャリアまたは微細分割固体キャリアあるいはその両方と均一および緊密に接触させて処方物を調製する。次に、必要であれば、生成物を所望の処方物に成形する。好ましくは、キャリアは、非経口的キャリア、より好ましくはレシピエントの血液と等張である溶液である。このようなキャリアビヒクルの例としては、水、生理食塩水、リンゲル溶液およびデキストロス溶液が挙げられる。不揮発性油およびオレイン酸エチルのような非水性ビヒクルもまた、リポソームと同様に本明細書において有用である。

## 【0 1 2 1】

キャリアは、等張性および化学安定性を高める物質のような微量の添加剤を適切に含有する。このような物質は、用いる投薬量および濃度でレシピエントに対して毒性がなく、このような物質としては、リン酸塩、クエン酸塩、コハク酸塩、酢酸および他の有機酸またはその塩類のような緩衝剤；アスコルビン酸のような抗酸化剤；低分子量 (約 10 残基より少ない) ポリペプチド (例えば、ポリアルギニンまたはトリペプチド)；血清アルブミン、ゼラチンまたは免疫グロブリンのようなタンパク質；ポリビニルピロリドンのような親水性ポリマー；グリシン、グルタミン酸、アスパラギン酸またはアルギニンのようなアミノ酸；セルロースまたはその誘導体、ブドウ糖、マンノースまたはデキストリンを含む、単糖類、二糖類、および他の炭水化物；EDTAのようなキレート剤；マンニトールまたはソルビトールのような糖アルコール；ナトリウムのような対イオン；および／またはポリソルベート、ポロキサマーもしくはPEGのような非イオン性界面活性剤が挙げられる。

## 【0 1 2 2】

治療的投与に用いられるべき任意の薬剤は、有効成分としてのウイルス以外の生物・ウイルスを含まない状態、すなわち、無菌状態であり得る。滅菌濾過膜 (例えば 0.2 ミクロンメンブレン) で濾過することにより無菌状態は容易に達成される。一般に、治療剤・予防剤は、滅菌アクセスポートを有する容器、例えば、皮下用注射針で穿刺可能なストッパー付の静脈内用溶液バッグまたはバイアルに配置される。

## 【0 1 2 3】

治療剤・予防剤は、通常、単位用量または複数用量容器、例えば、密封アンプルまたはバイアルに、水溶液または再構成するための凍結乾燥処方物として貯蔵される。凍結乾燥処方物の例として、10 ml のバイアルに、滅菌濾過した 1% (w/v) 治療剤・予防剤水溶液 5 ml を充填し、そして得られる混合物を凍結乾燥する。凍結乾燥した治療剤・予防剤を、注射用静菌水を用いて再構成して注入溶液を調製する。

## 【0 1 2 4】

本発明はまた、本発明の治療剤・予防剤の 1 つ以上の成分を満たした一つ以上の容器を



備える薬学的パックまたはキットを提供する。医薬品または生物学的製品の製造、使用または販売を規制する政府機関が定めた形式の通知が、このような容器に付属し得、この通知は、ヒトへの投与に対する製造、使用または販売に関する政府機関による承認を表す。さらに、治療剤・予防剤を他の治療用化合物と組み合わせて使用し得る。

#### 【0125】

本発明の治療剤・予防剤は、単独または他の治療剤・予防剤と組合わせて投与され得る。本発明の治療剤・予防剤と組合わせて投与され得る治療剤・予防剤としては、化学療法剤、抗生物質、ステロイドおよび非ステロイドの抗炎症剤、従来の免疫治療剤・予防剤、他のサイトカインおよび／または増殖因子が挙げられるが、これらに限定されない。組合わせは、例えば、混合物として同時に；同時にまたは並行してだが別々に；あるいは経時的のいずれかで投与され得る。これは、組み合わされた薬剤が、治療用混合物として共に投与されるという提示、およびまた、組み合わされた薬剤が、別々にしかし同時に、例えば、同じ個体に別々の静脈ラインを通じて投与される手順を含む。「組み合わせて」の投与は、一番目、続いて二番目に与えられる化合物または薬剤のうち1つの別々の投与をさらに含む。

#### 【0126】

特定の実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、抗レトロウイルス薬剤、ヌクレオシド逆転写酵素インヒビター、非ヌクレオシド逆転写酵素インヒビター、および／またはプロテアーゼインヒビターとの組合わせで投与される。

#### 【0127】

さらなる実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、抗生物質と組合わせて投与される。使用され得る抗生物質としては、アミノグリコシド系抗生物質、ポリエン系抗生物質、ペニシリン系抗生物質、セフェム系抗生物質、ペプチド系抗生物質、マクロライド系抗生物質、テトラサイクリン系抗生物質が挙げられるが、これらに限定されない。

#### 【0128】

さらなる実施態様において、本発明の治療剤・予防剤は、単独または抗炎症剤と組合わせて投与される。本発明の治療剤・予防剤とともに投与され得る抗炎症剤としては、グルココルチコイドおよび非ステロイド抗炎症剤、アミノアリアルカルボン酸誘導体、アリアル酢酸誘導体、アリアル酪酸誘導体、アリアルカルボン酸、アリアルプロピオン酸誘導体、ピラゾール、ピラズロン、サリチル酸誘導体、チアジンカルボキサミド、 $\epsilon$ -アセトアミドカプロン酸、S-アデノシルメチオニン、3-アミノ-4-ヒドロキシ酪酸、アミキセトリン (amixetrine)、ベンダザック、ベンジドアミン、ブコローム、ジフェンピラミド、ジタゾール、エモル ファゾン、グアイアズレン、ナブメトン、ニメスリド、オルゴテイン、オキサセプロール、パラニリン、ペリゾキサリ、ピフオキシム、プロキアゾン、プロキサゾール、およびテニダップが挙げられるが、これらに限定されない。

#### 【0129】

さらなる実施形態において、本発明の治療剤・予防剤は、他の治療レジメまたは予防レジメ（例えば、放射線治療）と組合わせて投与される。

#### 【0130】

以下に実施例等により本発明を詳しく説明するが、本発明はこれらに限定されるものではない。

#### 【実施例1】

#### 【0131】

（組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製）

（1：BACプラスミドの調製）

プラスミドPHA-2は、Markus WagnerおよびUlrich H. Koszinski (Adlerら、(2000)、J. Virol 74:6964-74) より分与されたものを使用した。組換えウイルスを作製するために、BACベクターの挿入箇所として、水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子11ORFと遺伝子12ORFの間の領域を選択した。なぜなら、このような非必須領域への外来核酸の挿入は、水

痘帯状疱疹ウイルスの増殖に悪影響を与えないと予想されたからである。

【 0 1 3 2 】

水痘帯状疱疹ウイルス O k a 株の遺伝子 1 1 O R F と遺伝子 1 2 O R F の断片を、水痘帯状疱疹ウイルス O k a 親株ゲノム D N A を鋳型として、それぞれ、プライマー V Z 1 1 F (配列番号 1) および V Z 1 1 R (配列番号 2)、ならびにプライマー V Z 1 2 F (配列番号 3) および V Z 1 2 R (配列番号 4) を用いて増幅した。

【 0 1 3 3 】

( 2 : 組換えプラスミドの作製のために使用されるプライマーの調製)

【 0 1 3 4 】

【表 1】

組換えプラスミドを生成するために使用したプライマー

プライマー	配列	産物 (塩基対) およびプラスミド
VZ11F	5'- <i>TATA</i> <u>ACTAGT GCGGCCGC</u> TTACGAAACGTGCATG-3' SpeI NotI	VZ ORF11(2652) SK/VZ11-12
VZ11R	5'-CGCG <u>ACCIGGT</u> TTATTTTACAAACTCCTTTGTGG-3' SexAI	
VZ12F	5'-GCGC <u>ACCAGGT</u> CTCGTTTAGACCTTAAATTTG-3' SexAI	VZ ORF12(2164) SK/VZ11-12
VZ12R	5'- <i>TATA</i> <u>GCGGCCGC</u> TTTAATCTGGTTGTGGAAATG-3' NotI	



表中、オリゴヌクレオチド配列中の制限酵素部位に、下線を附し、一方、斜字体の配列は、V Z V 配列中に存在しないさらなる塩基を示す。

#### 【0 1 3 5】

P C R 産物である遺伝子 1 1 O R F と遺伝子 1 2 O R F の断片を、それぞれ、S p e I / S e x A I、および N o t I / S e x A I を用いて消化した。2 つの P C R 断片を、S p e I および N o t I で消化されている p B l u e s c r i p t S K - ( S t r a t a g e n e ) にクローニングした。得られたプラスミドを、S K / V Z 1 1 - 1 2 とした。

#### 【0 1 3 6】

プラスミド p H A - 2 を、P a c I で消化し、そしてこの部位を T 4 D N A ポリメラーゼでの処理によって平滑末端化した。このプラスミドを、S K / V Z 1 1 - 1 2 の平滑末端化された S e x A I 部位にクローニングして、得られたプラスミドを p H A - 2 / V Z 1 1 - 1 2 ( 図 1 C ) とした。

#### 【0 1 3 7】

( 3 : 相同組換えによる組換えウイルスの調製 )

作製したプラスミド p H A - 2 / V Z 1 1 - 1 2 は、選択マーカーとしてグアニンホスホリボシルトランスフェラーゼ ( g p t ) 遺伝子を含んでいる。また、2 つの l o x P 配列に挟まれた B A C ベクター配列を含んでいるため、C r e リコンビナーゼを作用させることにより、l o x P 配列に挟まれた B A C ベクター配列を効率よく除去することが可能である。また、グリーン蛍光タンパク質 ( G F P ) の蛍光によって、B A C ベクター配列を含むプラスミドが導入された細胞を容易に確認することが可能である。

#### 【0 1 3 8】

このプラスミドを N o t I 消化によって線状化した。0 . 2  $\mu$  g の線状化された p H A - 2 / V Z 1 1 - 1 2 を、N u c l e o f e c t i o n u n i t ( A m a x a ) を用いて、7 5 c m<sup>2</sup> プラスチックフラスコ中でコンフルエントにまで培養された H E L 細胞中にエレクトロポレーションによりトランスフェクションした。トランスフェクションの 1 日後、トランスフェクションした細胞に、水痘帯状疱疹ウイルス O k a 株を感染させた。

#### 【0 1 3 9】

5 0  $\mu$  M のマイコフェノール酸および 2 0 0  $\mu$  M のキサンチンを用いて g p t 遺伝子による組換えウイルスの選択を行った。H E L 細胞に水痘帯状疱疹ウイルスによる典型的な細胞変性効果 ( C P E ) が見られ、そのうちのいくつかは蛍光顕微鏡下で G F P 発現を確認することができた。この結果は、水痘帯状疱疹ウイルスゲノムに B A C ベクターが挿入され、そして、B A C ベクターに含まれる G F P 遺伝子が発現していることを示す。

#### 【0 1 4 0】

( 4 : 組換えウイルスの富化と大腸菌への導入 )

組換えウイルスを g p t 遺伝子によるマイコフェノール酸およびキサンチンによる薬剤選択と 9 6 ウェルプレートによる限界希釈法を用いることによって富化した。感染細胞から、ハート法 ( H i r t , ( 1 9 6 7 ) J . M . B i o l 2 6 : 3 6 5 - 9 ) により環状ウイルス D N A を抽出した。抽出した D N A を、ジーンパルサー ( B i o - R a d 社 ) を用いて、エレクトロポレーション法 ( 0 . 2 c m キュベット、2 . 5 k V ) により大腸菌 D H 1 0 B に導入し、形質転換した。これを、1 7  $\mu$  g / m l のクロラムフェニコールを含む寒天上にて選択して、V Z V - B A C - D N A を含む大腸菌を得た。

#### 【0 1 4 1】

( 5 : E . c o l i における V Z V - B A C - D N A プラスミドの安定性 )

水痘帯状疱疹ウイルスゲノムを含む B A C ベクター ( V Z V - B A C - D N A ) を含む大腸菌を L B 培地で 2 2 ~ 2 4 時間培養し、その培養方法にて 3 回継代した。継代した中から 5 クローンを取り出し、その各々を、L B 培地にて同様の方法で大量培養した。キット添付のプロトコルに従って、菌体より、N u c l e o B o n d P C 1 0 0 キット ( M a c h e r e y - N a g e l 社 ) を使用して、V Z V - B A C - D N A を抽出した。得られた 5 つのクローンと元の V Z V - B A C - D N A を、それぞれ制限酵素 B a m H I によって消化した。これらのアガロース電気泳動上の制限酵素パターンを図 2 に示す。これ

らの図では、元のVZV-BAC-DNA（図2、レーン6）と3回継代したVZV-BAC-DNA（図2、レーン1から5）は、同一の泳動パターンを示した。このことは、E. coli中で、VZV-BAC-DNAプラスミドが安定であることを示す。

#### 【0142】

（6：VZV-BAC-DNAからのウイルスの産生）

75 cm<sup>2</sup> プラスチックフラスコ内でコンフルエントまで培養したHEL細胞に対して、1 μgのVZV-BAC-DNAをNucleofection unit（Amaxa社）を用いてトランスフェクションした。それらを2日後、75 cm<sup>2</sup> プラスチックフラスコ内でコンフルエントになるまで培養したHEL細胞に継代した。2～3日後に水痘帯状疱疹ウイルスによる典型的なCPEが観察された。またCPEが観察された細胞では、蛍光顕微鏡下でGFP遺伝子の発現が確認された。これにより、VZV-BAC-DNAを用いて、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを産出できたことが、確認された。産出された組換え水痘帯状疱疹ウイルスをrV01（図1D）とした。

#### 【0143】

（7：BACベクター配列の切り出し）

東京医科歯科大学川口寧氏によりCreリコンビナーゼを発現する組み換えアデノウイルス（AxCANCre）が分与された（Kanegaeら、（1995）Nucleic Acids Res 23:3816-21）。組み換えアデノウイルスをHEL細胞にMOI（感染多重度）100で感染させた。ウイルスを2時間吸着させた後、PBS（-）で細胞を洗い、5% FCSを含むDMEM培地にて培養した。組み換え水痘ウイルスrV01を組み換えアデノウイルス感染24時間後にHEL細胞に重感染させた。対照を用いた実験により組み換えアデノウイルスによりCreリコンビナーゼが発現され、rV01のゲノムよりBACベクター配列が効率よく切り出されたことを確認した。得られた水痘ウイルスをrV02（図1、E）とした。DNAシーケンスの結果、rV02は、rV01からBACベクター配列が切り出されたものであることを確認した。

#### 【0144】

水痘帯状疱疹ウイルスOk株の感染細胞から抽出したDNA（図3、レーン1）と大腸菌由来のVZV-BAC-DNA（図3、レーン2）を制限酵素BamHIで消化した。そのアガロースゲル電気泳動パターンを図3に示す。VZV-BAC-DNAの泳動パターンはBACベクター配列の挿入により親株と比較して約8.1 kbpのBamHIフラグメントが消失し、約7.8 kbpと約9.2 kbpのBamHIフラグメントが追加されていた。また組み換え水痘ウイルスrV02感染細胞から抽出したDNA（図3、レーン3）の約8.2 kbp BamHIフラグメントは、BACベクター配列が切り出された際に残った片側のloxP配列のために、水痘ウイルス親株の約8.1 kbp BamHIフラグメントと比較すると、そのサイズが少し大きくなっている。

#### 【実施例2】

#### 【0145】

（組換え水痘帯状疱疹ウイルスの特徴付）

（1：組み換えウイルスの増殖性の比較）

水痘帯状疱疹ウイルスOk株と、得られた組換え水痘帯状疱疹ウイルスrV02のHEL細胞での増殖性の比較をinfectious center assay法を用いて行った（Gomiら、（2002）J. Virol 76:11447-59）。HEL細胞に感染させた水痘帯状疱疹ウイルスOk株、rV02株を感染後0から5日まで培養しトリプシンで採取した後、新しいHEL細胞に感染させ増殖性について比較した。その結果を図4に示す。図4に示すように、得られた組換え水痘ウイルスrV02はin vitroにおいて水痘ウイルスOk株と同等の増殖能を示した。

#### 【実施例3】

#### 【0146】

（病原性の弱い変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルス株の作製）

本発明に従い、以下の方法を用いることによって、変異型組換え水痘帯状疱疹ウイルス

を調製し、変異ウイルスの中から病原性の弱い変異水痘带状疱疹ウイルス株を得ることが可能である。

【0 1 4 7】

(1 : 変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製)

変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製方法としては、例えば、変異遺伝子を含む核酸と V Z V - B A C - D N A プラスミドとの間で相同組換えを起こすことによって、変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスを調製する方法が挙げられる。V Z V - B A C - D N A プラスミドと相同組換えを起こすために用いられる変異遺伝子は、ランダムな変異を有していても、部位特異的な変異を有していてもよい。これら各々を用いることによって、ランダムな変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの集団、および部位特異的な変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスを得ることができる。以下、その各々についてより詳細に説明する。

【0 1 4 8】

(1. 1 : ランダムな変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製)

水痘带状疱疹ウイルスゲノムの遺伝子 6 2 に変異を有するウイルスのいくつかが弱毒化ウイルスであることが公知である。そのため、本実施例においては、P C R を用いてランダムに変異を導入した遺伝子 6 2 を作製する。P C R を用いる変異導入方法は周知であり、例えば、プルーフリーディング機能を有さない耐熱性ポリメラーゼを 4 つのヌクレオチドの 1 つが少ない条件で用いることによって、ランダムに変異を導入することが可能である。必要に応じて、変異型 6 2 遺伝子に薬剤耐性遺伝子のようなマーカー遺伝子を連結させてもよい。

【0 1 4 9】

このようにして調製された変異型遺伝子 6 2 を、実施例 1 (4 : 組換えウイルスの富化と大腸菌への導入) に従って、V Z V - B A C - D N A プラスミドとともに大腸菌に導入した。そして、変異型配列 6 2 を V Z V - B A C - D N A に対して相同組換えを起こさせる。その後、実施例 1 に記載の方法に従って、相同組換えを生じた水痘带状疱疹ウイルスの D N A を単離し、大腸菌に導入し、相同組換えを起こした V Z V - B A C - D N A を含む大腸菌を得る。

【0 1 5 0】

得られた複数の大腸菌は、各々異なる変異を有する遺伝子 6 2 を含む V Z V - B A C - D N A を有する。そこで、各大腸菌に含まれる変異型 V Z V - B A C - D N A により産生される水痘带状疱疹ウイルスの病原性の程度を、下記の (2 : 水痘带状疱疹ウイルスの病原性の試験方法) を用いてスクリーニングする。

【0 1 5 1】

(1. 2 : 部位特異的な変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスの調製)

所望の部位特異的な変異を導入する方法も、当該分野において周知である。例えば、所望の変異を有するプライマーを用いて P C R を行い、その所望の変異を有する遺伝子断片を調製し、その後、その変異遺伝子断片を用いて、さらに P C R を行うことによるか、または制限酵素などの酵素処理を行うことによって、所望の変異を有する遺伝子全長を調製する。

【0 1 5 2】

このようにして調製された変異遺伝子について、上記 (1. 1.) の手順を用いて、部位特異的な変異を有する変異型組換え水痘带状疱疹ウイルスを調製する。

【0 1 5 3】

(2 : 水痘带状疱疹ウイルスの病原性の試験方法)

水痘带状疱疹ウイルスの病原性を試験する方法について、2 つの方法が確立されている。

【0 1 5 4】

動物モデルを用いる方法として、ヒトの皮膚を移植した重症複合免疫不全 (S C I D) マウスを作製し、これに水痘带状疱疹ウイルスを感染させることによって、病原性につい



ての評価をする方法が周知である (J. V i r o l. 1998 F e b ; 72 (2) : 965-74, )。

#### 【0155】

これに対し試験管内で病原性の評価を行う方法としては、ポアサイズが  $3\mu\text{m}$  のトランスウェルで仕切られた二層のウェルの下側に単層培養のヒトメラノーマ細胞を入れ、上側に水痘带状疱疹ウイルスを感染させた臍帯血単核球 (CBMC) をそれぞれ入れ、7~8日培養した後のメラノーマ細胞のCPE (細胞変性効果) の程度を観察する方法もまた周知である (J. V i r o l. 2000 F e b ; 74 (4) : 1864-70)。

#### 【0156】

また、病原性を直接確認する方法ではないが、本発明者らのこれまでの結果 (J V i r o l. 2002 N o v ; 76 (22) : 11447-59) から、ウイルスの病原性と増殖性には密接な関連があることが理解されているため、i n f e c t i o u s c e n t e r a s s a y によって c e l l - t o - c e l l の増殖性を調べることによって間接的に病原性について評価を行うことができる。

#### 【実施例4】

##### 【0157】

(ワクチンの製造)

培養面積  $210\text{cm}^2$  のルー瓶20本のMRC-5細胞培養に、実施例1で得た組換え水痘带状疱疹ウイルスを接種の後、培養する。培養終了後、培養液を捨て、各ルー瓶内の感染細胞を200mlのPBS (-) にて2回洗浄する。次いで、20mlの0.03% (w/v) EDTA-3Naを各ルー瓶内の感染細胞に重層し、細胞をルー瓶内壁面から剥離させ浮遊させる。各ルー瓶内の感染細胞浮遊液をプールし、2,000rpmにて10分間、4℃で遠心し、感染細胞のペレットを採取する。これを100mlのPBS (-) に再浮遊の後、凍結融解を1回、行う。次に、氷水浴中で超音波処理 (20KHz、150mA、0.3秒/ml) 後、3,000rpmで20分間、4℃で遠心し、細胞遊離ウイルスを含有の上清を採取し、これを生ワクチン原液とする。この原液から検定用として30mlをサンプリングし、残りの原液70mlに、PBS (-) に溶解したサッカロース及びゼラチン加水分解物をワクチン安定化剤として最終濃度が5% (w/v) 及び2.5% (w/v) になるよう添加混合し、140mlの生ワクチン最終バルクを調製する。この最終バルクから検定用として30mlをサンプリングの後、残りバルクを3ml容のバイアル瓶に0.5mlずつ分注し、凍結乾燥の後、窒素ガスを充填しゴム栓で封をしバイアル瓶内部を気密密閉する。この生ワクチン小分品は、4℃で保存し、使用の直前に注射用蒸留水0.5mlを添加し乾燥内容物を完全に溶解し用いる。一方、サンプリングした上記のワクチン原液と最終バルク、及び小分品20本につき、検定試験を行う。この検定試験は、安全性、有効性及び均質性を確認し、生ワクチンとしての適格性を確定するため、厚生省告示第195号に規定の生物学的製剤基準 (1989年) 「乾燥弱毒生水痘 ワクチン」に準拠し、かつ、同じく規定の基準「組換え沈降B型肝炎ワクチン (酵母由来)」をも考慮し、実施する。この検定試験の結果、上記の小分品は、そのウイルス含量が  $2 \times 10^4$  PFU (プラーク形成単位) / 0.5mlであり、かつ、上記基準に規定の各種試験に合格した場合、適格性を備えた生ワクチンとしてその後の使用に供する。

#### 【実施例5】

##### 【0158】

(組換え水痘带状疱疹ウイルスワクチンの免疫原性の判定)

実施例4で製造した組換え水痘带状疱疹ウイルスワクチン株の免疫原性を、モルモットを用いて測定する。比較対照として、Ok株生ワクチンを使用する。これ等の各ワクチンを3週令の平均体重250gのモルモット3匹にそれぞれ皮下接種する。ワクチン接種は、接種量が組換え株及びOk株生ワクチンでは、3,000PFU又は2,000PFU/モルモットになるよう各ワクチンをPBS (-) で希釈調整して行う。ワクチン接種後、4、6及び8週目に、各被接種モルモットの大腿部静脈から部分採血し、その血中抗体価を測定する。抗体価の測定には、中和試験法 (J o u r n a l o f G e n e

ral Virology, 61, 255-269, 1982) を、採用する。組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチンが Ok a 株と同程度に、VZV 抗体を誘導することを確認する。これらの結果から、免疫原性が良好な組換え水痘帯状疱疹ウイルスワクチンを選択する。

#### 【0159】

以上のように、本発明の好ましい実施形態を用いて本発明を例示してきたが、本発明は、特許請求の範囲によってのみその範囲が解釈されるべきであることが理解される。本明細書において引用した特許、特許出願および文献は、その内容自体が具体的に本明細書に記載されているのと同様にその内容が本明細書に対する参考として援用されるべきであることが理解される。

#### 【産業上の利用可能性】

#### 【0160】

本発明によって、例えば、BAC (大腸菌人工染色体) を用い、単一のウイルス株から組換え水痘帯状疱疹ウイルスを作製する方法、およびその方法によって作製された組換え水痘帯状疱疹ウイルスが提供される。また、本発明によって、組換え水痘帯状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物がまた提供される。

#### 【0161】

さらに、本発明によって、水痘帯状疱疹ウイルスゲノム遺伝子と BAC ベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘帯状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、および BAC ベクター配列を含む核酸カセットが提供される。

#### 【図面の簡単な説明】

#### 【0162】

【図1】 図1は、水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 株ゲノムおよび組換え水痘帯状疱疹ウイルスの構築を模式的に示す図である。

#### 【0163】

VZV ゲノム (A) は、約 125 kbp 長であり、末端反復 (TR) DNA ドメイン、特有の長い (UR) DNA ドメイン、内部反復 (IR) DNA ドメイン、および特有の短い (US) DNA ドメインからなる。組換えプラスミド PHA-2/VZV11-12 (C) を構築するために、VZV ゲノムの ORF11 フラグメントおよび ORF12 フラグメントを、適切なプライマーを使用し、PCR 増幅によって作製した。この組換えプラスミドは、loxP 部位と隣接する、約 2.0 kbp の側方の相同性配列および BAC ベクターを含んだ。BAC クローン化 VZV rV01 (D) を、組換えプラスミド PHA-2/VZV11-12 および VZV ウイルスの相同組換えによって、HEL 細胞中で作製した。環状 BAC クローン化ゲノムを大腸菌に導入することによって、VZV BAC プラスミドを作製した。VZV rV02 (E) を、BAC クローン化 VZV rV01 および組換えアデノウイルス (AxCANCre) の重複感染によって、作製した。L を囲む円は、loxP 部位を表す。

【図2】 図2は、大腸菌中での VZV BAC プラスミドの安定性を示すデータである。

#### 【0164】

VZV BAC プラスミドを有する大腸菌を、3回継代し、最後に、クロラムフェニコールを含有するアガープレート上で選択した。そのうちの5クローンについて培養し、DNA を抽出した。そして BamHI 消化およびゲル電気泳動によって分析した。5つ全てのクローン (レーン1~5) を、元の VZV BAC プラスミド (レーン6) と比較した。その結果、アガロースゲル上で同一の制限酵素パターンが示された。これは、大腸菌中の VZV プラスミドの高い安定性を示した。分子サイズを、左に示す。

【図3】 図3は、水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 株および組換え水痘帯状疱疹ウイルスのゲノム DNA 制限酵素パターンを示す。感染細胞から抽出された水痘帯状疱疹ウイルス Ok a 株 DNA (レーン1)、大腸菌から単離された VZV BAC プラスミド

DNA (レーン 2)、および感染細胞から単離された組換え水痘带状疱疹ウイルス rV02 DNA (レーン 3) を示す。BAC 配列の挿入の結果として生じる VZV BAC プラスミドのフラグメント (レーン 2) を、矢印で示す。組換え水痘带状疱疹ウイルス rV02 DNA において矢印で示されたフラグメントは、残った片側の loxP 配列によって水痘带状疱疹ウイルス Okazaki 株 DNA (レーン 1) のものと比較して大きくなっている。分子サイズを、左に示す。

【図 4】 図 4 は、水痘带状疱疹ウイルス Okazaki 株 (Parent) と組換え水痘带状疱疹ウイルス (rV02) のインビトロでの増殖比較を示す。35mm ディッシュの HEL 細胞を、0.01 PFU/細胞の多重度で、感染させ、次いで、感染細胞を洗浄し、感染から 0～5 日、トリプシンで処理した。このトリプシンで処理した細胞を、HEL 細胞に感染させ、増殖能について調べた。感性細胞の数を、初期ウイルスタイター/ディッシュに規格化し；倍数増加は、0 日目において 1 個の感染細胞から伝播した感染細胞の数を示す。

【配列表フリーテキスト】

【0165】

配列番号 1 : VZ11F プライマー

配列番号 2 : VZ11R プライマー

配列番号 3 : VZ12F プライマー

配列番号 4 : VZ12R プライマー

配列番号 5 : 遺伝子 62 の配列

配列番号 6 : 遺伝子 62 の配列

配列番号 7 : プラスミド PHA-2 の配列

配列番号 8 : 水痘带状疱疹ウイルス Dumas 株

配列番号 9 : 配列番号 8 の 1134 位～1850 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 2)

配列番号 10 : 配列番号 8 の 8607 位～9386 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 7)

配列番号 11 : 配列番号 8 の 10642 位～10902 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 9A)

配列番号 12 : 配列番号 8 の 11009 位～11917 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 9)

配列番号 13 : 配列番号 8 の 12160 位～13392 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 10)

配列番号 14 : 配列番号 8 の 13590 位～16049 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 11)

配列番号 15 : 配列番号 8 の 16214 位～18199 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 12)

配列番号 16 : 配列番号 8 の 18441 位～19346 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 13)

配列番号 17 : 配列番号 8 の 24149 位～25516 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 17)

配列番号 18 : 配列番号 8 の 30759 位～33875 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 21)

配列番号 19 : 配列番号 8 の 34083 位～42374 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 22)

配列番号 20 : 配列番号 8 の 44506 位～46263 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 26)

配列番号 21 : 配列番号 8 の 50857 位～54471 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 29)

配列番号 22 : 配列番号 8 の 54651 位～56963 位に 5' → 3' 方向でコードされ



るアミノ酸配列（遺伝子 3 0）

配列番号 2 3：配列番号 8 の 5 7 0 0 8 位～5 9 6 1 4 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 3 1）

配列番号 2 4：配列番号 8 の 5 9 7 6 6 位～6 0 1 9 7 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 3 2）

配列番号 2 5：配列番号 8 の 6 4 8 0 7 位～6 5 8 3 2 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 3 6）

配列番号 2 6：配列番号 8 の 6 6 0 7 4 位～6 8 5 9 9 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 3 7）

配列番号 2 7：配列番号 8 の 7 0 6 3 3 位～7 1 3 5 5 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 3 9）

配列番号 2 8：配列番号 8 の 7 1 5 4 0 位～7 5 7 3 0 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 0）

配列番号 2 9：配列番号 8 の 7 5 8 4 7 位～7 6 7 9 7 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 1）

配列番号 3 0：配列番号 8 の 7 8 1 7 0 位～8 0 2 0 0 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 3）

配列番号 3 1：配列番号 8 の 8 0 3 6 0 位～8 1 4 5 1 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 4）

配列番号 3 2：配列番号 8 の 8 2 7 1 9 位～8 3 3 1 8 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 6）

配列番号 3 3：配列番号 8 の 8 4 6 6 7 位～8 6 3 2 2 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 8）

配列番号 3 4：配列番号 8 の 8 7 8 8 1 位～9 0 3 8 8 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 5 1）

配列番号 3 5：配列番号 8 の 9 0 4 9 3 位～9 2 8 0 8 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 5 2）

配列番号 3 6：配列番号 8 の 9 5 9 9 6 位～9 8 6 4 1 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 5 5）

配列番号 3 7：配列番号 8 の 1 1 0 5 8 1 位～1 1 1 4 1 7 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 6 3）

配列番号 3 8：配列番号 8 の 1 1 1 5 6 5 位～1 1 2 1 0 7 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 6 4）

配列番号 3 9：配列番号 8 の 1 1 3 0 3 7 位～1 1 4 2 1 8 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 6 6）

配列番号 4 0：配列番号 8 の 1 1 4 4 9 6 位～1 1 5 5 6 0 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 6 7）

配列番号 4 1：配列番号 8 の 1 1 5 8 0 8 位～1 1 7 6 7 9 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 6 8）

配列番号 4 2：配列番号 8 の 1 2 0 7 6 4 位～1 2 4 6 9 6 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 7 1）

配列番号 4 3：配列番号 8 の部分配列（遺伝子 2 7）

配列番号 4 4：配列番号 4 3 の 1 位～9 9 9 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 2 7）

配列番号 4 5：配列番号 8 の部分配列（遺伝子 4 7）

配列番号 4 6：配列番号 4 5 の 1 位～1 5 3 0 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 7）

配列番号 4 7：配列番号 8 の部分配列

配列番号 4 8：配列番号 4 7 の 1 位～2 4 3 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列（遺伝子 4 9）

配列番号 4 9 : 配列番号 8 の部分配列

配列番号 5 0 : 配列番号 4 9 の 1 位 ~ 7 3 2 位に 5' → 3' 方向でコードされるアミノ酸配列 (遺伝子 5 6)

配列番号 5 1 : 配列番号 8 の配列の相補鎖配列

配列番号 5 2 : 配列番号 8 の 1 1 8 4 8 0 位 ~ 1 1 9 3 1 6 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 5 5 6 9 位 ~ 6 4 0 5 位に対応する) (遺伝子 7 0)

配列番号 5 3 : 配列番号 8 の 1 1 7 7 9 0 位 ~ 1 1 8 3 3 2 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 6 5 5 3 位 ~ 7 0 9 5 位に対応する) (遺伝子 6 9)

配列番号 5 4 : 配列番号 8 の 1 1 2 3 3 2 位 ~ 1 1 2 6 4 0 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 1 2 2 4 5 位 ~ 1 2 5 5 3 位に対応する) (遺伝子 6 5)

配列番号 5 5 : 配列番号 8 の 1 0 5 2 0 1 位 ~ 1 0 9 1 3 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 1 5 7 5 2 位 ~ 1 9 6 8 4 位に対応する) (遺伝子 6 2)

配列番号 5 6 : 配列番号 8 の 1 0 3 0 8 2 位 ~ 1 0 4 4 8 5 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 2 0 4 0 0 位 ~ 2 1 8 0 3 位に対応する) (遺伝子 6 1)

配列番号 5 7 : 配列番号 8 の 1 0 0 3 0 2 位 ~ 1 0 1 2 1 9 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 2 3 6 6 6 位 ~ 2 4 5 8 3 位に対応する) (遺伝子 5 9)

配列番号 5 8 : 配列番号 8 の 9 9 4 1 1 位 ~ 9 9 6 2 6 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 2 5 2 5 9 位 ~ 2 5 4 7 4 位に対応する) (遺伝子 5 7)

配列番号 5 9 : 配列番号 8 の 9 2 8 5 5 位 ~ 9 3 8 5 0 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 3 1 0 3 5 位 ~ 3 2 0 3 0 位に対応する) (遺伝子 5 3)

配列番号 6 0 : 配列番号 8 の 6 8 6 6 8 位 ~ 7 0 2 9 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 5 4 5 9 2 位 ~ 5 6 2 1 7 位に対応する) (遺伝子 3 8)

配列番号 6 1 : 配列番号 8 の 6 3 9 7 7 位 ~ 6 4 7 5 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 6 0 1 3 2 位 ~ 6 0 9 0 8 位に対応する) (遺伝子 3 5)

配列番号 6 2 : 配列番号 8 の 6 2 1 7 1 位 ~ 6 3 9 1 0 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 6 0 9 7 5 位 ~ 6 2 7 1 4 位に対応する) (遺伝子 3 4)

配列番号 6 3 : 配列番号 8 の 6 0 3 2 1 位 ~ 6 2 1 3 8 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 6 2 7 4 7 位 ~ 6 4 5 6 4 位に対応する) (遺伝子 3 3)

配列番号 6 4 : 配列番号 8 の 4 7 0 5 2 位 ~ 5 0 6 3 6 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 7 4 2 4 9 位 ~ 7 7 8 3 3 位に対応する) (遺伝子 2 8)

配列番号 6 5 : 配列番号 8 の 4 4 1 4 8 位 ~ 4 4 6 1 8 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 8 0 2 6 7 位 ~ 8 0 7 3 7 位に対応する) (遺伝子 2 5)

配列番号 6 6 : 配列番号 8 の 4 3 2 1 2 位 ~ 4 4 0 2 1 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列 (配列番号 5 1 の 8 0 8 6 4 位 ~ 8 1 6 7 3 位に対応する) (遺伝子 2 4)

配列番号 6 7 : 配列番号 8 の 4 2 4 3 1 位 ~ 4 3 1 3 8 位に 3' → 5' 方向でコードされ

- るアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 8 1 7 4 7 位～8 2 4 5 4 位に対応する）（遺伝子 2 3）
- 配列番号 6 8：配列番号 8 の 2 9 0 2 4 位～3 0 4 7 5 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 9 4 4 1 0 位～9 5 8 6 1 位に対応する）（遺伝子 2 0）
- 配列番号 6 9：配列番号 8 の 2 6 5 1 8 位～2 8 8 4 5 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 9 6 0 4 0 位～9 8 3 6 7 位に対応する）（遺伝子 1 9）
- 配列番号 7 0：配列番号 8 の 2 5 5 7 3 位～2 6 4 9 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 9 8 3 9 2 位～9 9 3 1 2 位に対応する）（遺伝子 1 8）
- 配列番号 7 1：配列番号 8 の 2 2 5 6 8 位～2 3 7 9 4 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 0 1 0 9 1 位～1 0 2 3 1 7 位に対応する）（遺伝子 1 6）
- 配列番号 7 2：配列番号 8 の 2 1 2 5 8 位～2 2 4 7 8 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 0 2 4 0 7 位～1 0 3 6 2 7 位に対応する）（遺伝子 1 5）
- 配列番号 7 3：配列番号 8 の 1 9 4 3 1 位～2 1 1 1 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 0 3 7 7 2 位～1 0 5 4 5 4 位に対応する）（遺伝子 1 4）
- 配列番号 7 4：配列番号 8 の 9 4 7 7 位～1 0 6 6 7 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 1 4 2 1 8 位～1 1 5 4 0 8 位に対応する）（遺伝子 8）
- 配列番号 7 5：配列番号 8 の 5 3 2 6 位～8 5 7 7 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 1 6 3 0 8 位～1 1 9 5 5 9 位に対応する）（遺伝子 6）
- 配列番号 7 6：配列番号 8 の 4 2 5 2 位～5 2 7 4 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 1 9 6 1 1 位～1 2 0 6 3 3 位に対応する）（遺伝子 5）
- 配列番号 7 7：配列番号 8 の 2 7 8 3 位～4 1 4 1 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 2 0 7 4 4 位～1 2 2 1 0 2 位に対応する）（遺伝子 4）
- 配列番号 7 8：配列番号 8 の 1 9 0 8 位～2 4 4 7 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 2 2 4 3 8 位～1 2 2 9 7 7 位に対応する）（遺伝子 3）
- 配列番号 7 9：配列番号 8 の 5 8 9 位～9 1 5 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 2 3 9 7 0 位～1 2 4 2 9 6 位に対応する）（遺伝子 1）
- 配列番号 8 0：配列番号 5 1 の部分配列
- 配列番号 8 1：配列番号 8 0 の 1 位～1 0 5 6 位および 4 5 5 6 位～5 7 4 0 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 4 6 8 4 7 位～4 8 0 3 4 位および 4 2 2 9 2 位～4 3 3 4 7 位に対応する）（遺伝子 4 2 および遺伝子 4 5）
- 配列番号 8 2：配列番号 5 1 の部分配列
- 配列番号 8 3：配列番号 8 2 の 1 位～1 3 0 5 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 2 3 5 8 0 位～1 2 4 8 8 4 位に対応する）（遺伝子 5 0）
- 配列番号 8 4：配列番号 5 1 の部分配列
- 配列番号 8 5：配列番号 8 4 の 1 位～2 3 0 7 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 2 2 5 7 8 位～1 2 4 8 8 4 位に対応する）（遺伝子 5 4）
- 配列番号 8 6：配列番号 5 1 の部分配列
- 配列番号 8 7：配列番号 8 6 の 1 位～6 6 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 2 4 2 2 2 位～1 2 4 8 8 4 位に対応する）（遺伝子 5 8）
- 配列番号 8 8：配列番号 5 1 の部分配列
- 配列番号 8 9：配列番号 8 8 の 1 位～4 2 7 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸配列（配列番号 5 1 の 1 2 4 4 5 8 位～1 2 4 8 8 4 位に対応する）（遺伝子 6 0）
- 配列番号 9 0：配列番号 5 1 の部分配列



配列番号 9 1：配列番号 9 0 の 1 位～9 0 3 位に 3' → 5' 方向でコードされるアミノ酸  
配列（配列番号 5 1 の 6 0 3 2 1 位～6 1 2 2 9 位に対応する）（遺伝子 3 3. 5）

## 【配列表】

## SEQUENCE LISTING

<110> The Research Foundation for Microbial Diseases of Osaka University

<120> Recombinant varicella-zoster virus

<130> J1-03392485

<160> 91

<170> PatentIn version 3.2

<210> 1

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 1

tataactagt gcggccgctt acgaaaacgt gcatg

35

<210> 2

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 2

cgcgacctgg tttatTTTtac aaactccttt gtgg

34

<210> 3

<211> 34

<212> DNA

<213> Artificial

<220>

<223> primer

<400> 3

gcgcaccagg tctctgttta gaccttaaaa ttg

34

<210> 4  
<211> 34  
<212> DNA  
<213> Artificial

<220>  
<223> primer

<400> 4  
tatagcggcc gcttttaatc tggttgtgga aatg

34

<210> 5  
<211> 4226  
<212> DNA  
<213> Varicella zoster

<220>  
<221> CDS  
<222> (229)..(4158)

<400> 5  
atactatggt ccatgaactt cccgcctcga gtctcgtcca atcactacat cgtcttatca 60  
ttaagaatat ttacacggtg acgacacggg gaggaatat gcggtcgagg ggggggcaca 120  
acacgtttta agtactgttg gaactccctc accaaccgca aycgcaatcc tttgaaggct 180  
gcgagagcgt ttggaaaact cgggtacgtc taaattcacc ccagygcg atg gat acg 237  
Met Asp Thr  
1

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat act 285  
Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp Thr  
5 10 15

ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcc gcg gcc gcc gaa cac 333  
Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu His  
20 25 30 35

agg gcc cgg gtg gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta cta ttt gga 381  
Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu Leu Phe Gly  
40 45 50

gag aac ggg gtc atg gtg gga cgg gaa cat gag atc gtt tca att ccc 429  
Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val Ser Ile Pro  
55 60 65

tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg gaa gat gtt ggc gaa 477



Ser	Val	Ser	Gly	Leu	Gln	Pro	Glu	Pro	Arg	Thr	Glu	Asp	Val	Gly	Glu		
		70					75					80					
gag	cta	aca	caa	gac	gac	tac	gta	tgc	gag	gac	ggt	cag	gat	cta	ayg	525	
Glu	Leu	Thr	Gln	Asp	Asp	Tyr	Val	Cys	Glu	Asp	Gly	Gln	Asp	Leu	Xaa		
	85					90					95						
ggc	tcg	cct	gta	atc	ccg	ctg	gcc	gag	gtc	ttc	cac	acc	cga	ttc	tcg	573	
Gly	Ser	Pro	Val	Ile	Pro	Leu	Ala	Glu	Val	Phe	His	Thr	Arg	Phe	Ser		
100					105					110					115		
gag	gcc	ggc	gcg	cga	gaa	cca	aca	gga	gcc	gat	cgc	tcc	ctc	gag	aca	621	
Glu	Ala	Gly	Ala	Arg	Glu	Pro	Thr	Gly	Ala	Asp	Arg	Ser	Leu	Glu	Thr		
				120					125					130			
gtc	tct	ctc	gga	acg	aag	ctt	gct	agg	tct	cca	aaa	cca	ccg	atg	aac	669	
Val	Ser	Leu	Gly	Thr	Lys	Leu	Ala	Arg	Ser	Pro	Lys	Pro	Pro	Met	Asn		
			135					140						145			
gat	ggg	gaa	acg	ggc	aga	ggt	acg	acc	cct	ccg	ttc	ccg	cag	gcc	ttc	717	
Asp	Gly	Glu	Thr	Gly	Arg	Gly	Thr	Thr	Pro	Pro	Phe	Pro	Gln	Ala	Phe		
		150					155					160					
tcc	cct	gta	tcc	ccc	gcg	tct	cct	gtt	gga	gac	gcc	gcc	ggg	aac	gat	765	
Ser	Pro	Val	Ser	Pro	Ala	Ser	Pro	Val	Gly	Asp	Ala	Ala	Gly	Asn	Asp		
	165						170				175						
caa	cgg	gaa	gac	cag	cgg	tct	ata	ccc	cga	caa	acg	acg	aga	gga	aat	813	
Gln	Arg	Glu	Asp	Gln	Arg	Ser	Ile	Pro	Arg	Gln	Thr	Thr	Arg	Gly	Asn		
180					185					190					195		
tca	cca	ggt	ttg	ccg	tcg	gtg	gtc	cat	cga	gac	aga	caa	act	cag	tcc	861	
Ser	Pro	Gly	Leu	Pro	Ser	Val	Val	His	Arg	Asp	Arg	Gln	Thr	Gln	Ser		
				200					205					210			
atc	tcg	ggt	aaa	aag	ccg	ggc	gat	gag	caa	gcg	ggt	cat	gcg	cat	gca	909	
Ile	Ser	Gly	Lys	Lys	Pro	Gly	Asp	Glu	Gln	Ala	Gly	His	Ala	His	Ala		
			215					220					225				
tcg	ggg	gac	gga	gta	gtt	ctc	cag	aaa	act	caa	cgg	ccc	gct	cag	gga	957	
Ser	Gly	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Gln	Lys	Thr	Gln	Arg	Pro	Ala	Gln	Gly		
		230					235					240					
aag	agc	ccg	aag	aaa	aag	act	ttg	aag	gtt	aag	gtc	cca	ctc	ccg	gcg	1005	
Lys	Ser	Pro	Lys	Lys	Lys	Thr	Leu	Lys	Val	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ala		
	245					250					255						
cgg	aaa	ccc	ggt	gga	cct	gta	ccc	ggc	ccg	gtt	gag	caa	ttg	tac	cac	1053	
Arg	Lys	Pro	Gly	Gly	Pro	Val	Pro	Gly	Pro	Val	Glu	Gln	Leu	Tyr	His		
260					265					270					275		

gtc	ctt	tcg	gac	agc	gtt	ccc	gct	aag	ggg	gca	aag	gcg	gac	ctg	ccg	1101
Val	Leu	Ser	Asp	Ser	Val	Pro	Ala	Lys	Gly	Ala	Lys	Ala	Asp	Leu	Pro	
				280					285					290		
ttt	gag	acc	gat	gat	acc	cgc	cca	agg	aaa	cat	gat	gcc	cgg	ggt	ata	1149
Phe	Glu	Thr	Asp	Asp	Thr	Arg	Pro	Arg	Lys	His	Asp	Ala	Arg	Gly	Ile	
			295					300					305			
aca	cct	cgc	gtc	cct	gga	cgt	tcg	tcg	ggg	ggc	aaa	cct	aga	gcg	ttt	1197
Thr	Pro	Arg	Val	Pro	Gly	Arg	Ser	Ser	Gly	Gly	Lys	Pro	Arg	Ala	Phe	
		310					315					320				
ttg	gcc	ctg	ccg	gga	aga	tcc	cac	gca	cca	gac	ccg	att	gag	gat	gac	1245
Leu	Ala	Leu	Pro	Gly	Arg	Ser	His	Ala	Pro	Asp	Pro	Ile	Glu	Asp	Asp	
	325					330					335					
agc	ccg	gtg	gag	aaa	aag	cca	aag	agt	cgt	gag	ttt	gtt	tcg	tct	tca	1293
Ser	Pro	Val	Glu	Lys	Lys	Pro	Lys	Ser	Arg	Glu	Phe	Val	Ser	Ser	Ser	
340					345					350					355	
tcc	tct	tcc	tcg	tcg	tgg	gga	tcg	tca	tcg	gag	gat	gaa	gac	gat	gaa	1341
Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Trp	Gly	Ser	Ser	Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Asp	Glu	
				360					365					370		
ccc	cgg	cgc	gtt	tcg	gtg	gga	agt	gaa	act	aca	ggc	agc	agg	tcc	gga	1389
Pro	Arg	Arg	Val	Ser	Val	Gly	Ser	Glu	Thr	Thr	Gly	Ser	Arg	Ser	Gly	
			375					380					385			
cgc	gaa	cac	gcc	cct	tcc	ccg	tca	aat	tcg	gat	gat	tcg	gac	tca	aat	1437
Arg	Glu	His	Ala	Pro	Ser	Pro	Ser	Asn	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Ser	Asn	
		390					395					400				
gat	ggt	ggg	tcg	acg	aaa	caa	aat	atc	caa	ccg	gga	tat	cga	tcc	atc	1485
Asp	Gly	Gly	Ser	Thr	Lys	Gln	Asn	Ile	Gln	Pro	Gly	Tyr	Arg	Ser	Ile	
	405					410					415					
agc	ggt	ccc	gat	ccg	agg	att	cgt	aag	acc	aaa	cgt	ctt	gcg	ggg	gaa	1533
Ser	Gly	Pro	Asp	Pro	Arg	Ile	Arg	Lys	Thr	Lys	Arg	Leu	Ala	Gly	Glu	
420					425					430					435	
ccg	ggg	cgc	cag	aga	cag	aaa	tca	ttt	tcc	ctg	ccg	cga	tcc	aga	acc	1581
Pro	Gly	Arg	Gln	Arg	Gln	Lys	Ser	Phe	Ser	Leu	Pro	Arg	Ser	Arg	Thr	
			440						445					450		
ccg	ata	att	ccc	ccg	gtg	tcg	ggg	ccg	ctc	atg	atg	ccc	gac	gga	agc	1629
Pro	Ile	Ile	Pro	Pro	Val	Ser	Gly	Pro	Leu	Met	Met	Pro	Asp	Gly	Ser	
			455					460					465			
cct	tgg	ccc	gga	tcg	gcg	ccc	ctc	cca	tcc	aac	agg	gtg	cgg	ttt	gga	1677

Pro	Trp	Pro	Gly	Ser	Ala	Pro	Leu	Pro	Ser	Asn	Arg	Val	Arg	Phe	Gly	
		470					475					480				
ccg	tcc	ggg	gag	acc	aga	gag	ggt	cac	tgg	gag	gat	gag	gct	gtg	aga	1725
Pro	Ser	Gly	Glu	Thr	Arg	Glu	Gly	His	Trp	Glu	Asp	Glu	Ala	Val	Arg	
	485					490				495						
gcg	gcg	cgg	gct	cgt	tac	gag	gcc	tca	act	gaa	ccc	gyg	ccg	ctt	tac	1773
Ala	Ala	Arg	Ala	Arg	Tyr	Glu	Ala	Ser	Thr	Glu	Pro	Xaa	Pro	Leu	Tyr	
500					505					510					515	
gtg	ccg	gag	ttg	gga	gat	ccg	gct	aga	cag	tac	cgc	gcg	ctg	att	aac	1821
Val	Pro	Glu	Leu	Gly	Asp	Pro	Ala	Arg	Gln	Tyr	Arg	Ala	Leu	Ile	Asn	
				520					525					530		
ctg	atc	tac	tgt	cca	gac	aga	gac	cct	ata	gca	tgg	ctc	cag	aac	ccc	1869
Leu	Ile	Tyr	Cys	Pro	Asp	Arg	Asp	Pro	Ile	Ala	Trp	Leu	Gln	Asn	Pro	
			535					540					545			
aag	ctg	acc	ggt	gtc	aac	tcg	gcc	ctg	aac	cag	ttc	tac	caa	aag	ctg	1917
Lys	Leu	Thr	Gly	Val	Asn	Ser	Ala	Leu	Asn	Gln	Phe	Tyr	Gln	Lys	Leu	
		550					555					560				
ttg	cca	ccg	gga	cgg	gcg	ggt	acc	gcc	gtt	acg	ggg	agc	gta	gcg	tct	1965
Leu	Pro	Pro	Gly	Arg	Ala	Gly	Thr	Ala	Val	Thr	Gly	Ser	Val	Ala	Ser	
	565					570					575					
ccc	gtt	ccg	cat	gta	ggc	gaa	gcc	atg	gcc	acg	ggg	gag	gcc	ctc	tgg	2013
Pro	Val	Pro	His	Val	Gly	Glu	Ala	Met	Ala	Thr	Gly	Glu	Ala	Leu	Trp	
580					585					590					595	
gct	ctc	ccc	cac	gcg	gcc	gcg	gcc	gtg	gct	atg	agc	cgt	cgg	tac	gac	2061
Ala	Leu	Pro	His	Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Ala	Met	Ser	Arg	Arg	Tyr	Asp	
				600					605					610		
cgg	gcc	caa	aaa	cac	ttt	atc	cta	cag	agt	ctc	cgc	aga	gcc	ttt	gcc	2109
Arg	Ala	Gln	Lys	His	Phe	Ile	Leu	Gln	Ser	Leu	Arg	Arg	Ala	Phe	Ala	
			615					620					625			
ggc	atg	gca	tac	ccc	gag	gca	acg	ggc	tcc	agt	ccg	gcg	gcg	cgg	atc	2157
Gly	Met	Ala	Tyr	Pro	Glu	Ala	Thr	Gly	Ser	Ser	Pro	Ala	Ala	Arg	Ile	
		630					635					640				
tcc	cgc	ggt	cac	cct	tct	cca	aca	acc	ccg	gcc	aca	cag	act	ccc	gac	2205
Ser	Arg	Gly	His	Pro	Ser	Pro	Thr	Thr	Pro	Ala	Thr	Gln	Thr	Pro	Asp	
	645					650					655					
cct	cag	ccg	tcg	gcc	gcc	gcg	cgc	tct	ctt	tct	gtg	tgt	cca	ccg	gat	2253
Pro	Gln	Pro	Ser	Ala	Ala	Ala	Arg	Ser	Leu	Ser	Val	Cys	Pro	Pro	Asp	
660					665					670					675	



gat cgt tta cga act ccg cgc aag cgc aag tcc cag cca gtc gag agc Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro Val Glu Ser 680 685 690	2301
aga agc ctc ctc gac aag att agg gag aca ccc gtc gcg gac gcc cgg Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala Asp Ala Arg 695 700 705	2349
gtt gca gac gat cat gtg gtt tcc aag gcc aag agg cgg gta tcc gag Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg Val Ser Glu 710 715 720	2397
ccc gtg acc atc acc tcg ggc cct gtg gtg gat ccc ccc gcc gta ata Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro Ala Val Ile 725 730 735	2445
acg atg cca ctt gac gga ccg gcc cca aac ggg gga ttt cgg cgt att Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe Arg Arg Ile 740 745 750 755	2493
ccc cgg ggg gcc ctg cat acc ccg gtc ccg tcg gac cag gct cgc aag Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln Ala Arg Lys 760 765 770	2541
gcg tac tgt acc ccc gaa acc atc gcc cgt ctg gtc gac gac cca ttg Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp Asp Pro Leu 775 780 785	2589
ttt ccc acg gcc tgg cgc cct gcg cta agc ttt gat ccc ggc gcc ttg Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro Gly Ala Leu 790 795 800	2637
gcg gaa atc gcc gct cgg cgt ccg ggc gga gga gac cga cgg ttt ggt Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg Arg Phe Gly 805 810 815	2685
cca ccc agc gga gtg gag gcg ctg cga cgg agg tgc gcc tgg atg cgg Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala Trp Met Arg 820 825 830 835	2733
cag atc cca gac ccg gag gat gtg agg ctt ctg atc atc tac gat ccg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile Tyr Asp Pro 840 845 850	2781
ttg ccc gga gag gac atc aac ggc ccc ctc gag agc acc ctc gcg aca Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr Leu Ala Thr 855 860 865	2829
gat ccg gga ccg tca tgg agt cca tcc cga ggg gga ctg tct gtg gtc	2877

Asp	Pro	Gly	Pro	Ser	Trp	Ser	Pro	Ser	Arg	Gly	Gly	Leu	Ser	Val	Val		
		870					875					880					
ctg	gca	gcc	ctg	agt	aac	cgg	ttg	tgc	ctg	ccg	agc	act	cat	gcc	tgg	2925	
Leu	Ala	Ala	Leu	Ser	Asn	Arg	Leu	Cys	Leu	Pro	Ser	Thr	His	Ala	Trp		
		885				890					895						
gcc	ggg	aac	tgg	acc	ggc	ccg	ccg	gac	gtg	tcc	gct	ttg	aac	gcc	cgg	2973	
Ala	Gly	Asn	Trp	Thr	Gly	Pro	Pro	Asp	Val	Ser	Ala	Leu	Asn	Ala	Arg		
900					905				910						915		
ggc	gtt	tta	tta	ctg	tcg	acc	cga	gac	ctg	gcc	ttt	gcc	ggg	gcc	gtc	3021	
Gly	Val	Leu	Leu	Leu	Ser	Thr	Arg	Asp	Leu	Ala	Phe	Ala	Gly	Ala	Val		
				920					925					930			
gag	tat	cta	ggc	tcg	cgg	ttg	gcc	tct	gcc	cgg	cgc	cgg	ttg	ctg	gtg	3069	
Glu	Tyr	Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Ala	Ser	Ala	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Val		
		935					940						945				
ttg	gac	gcg	gtg	gcc	ctc	gag	agg	tgg	ccc	ggg	gat	gga	ccc	gct	ttg	3117	
Leu	Asp	Ala	Val	Ala	Leu	Glu	Arg	Trp	Pro	Gly	Asp	Gly	Pro	Ala	Leu		
		950					955					960					
tct	cag	tat	cac	gtg	tac	gtc	cgg	gcc	ccg	gcg	cga	ccg	gac	gcc	cag	3165	
Ser	Gln	Tyr	His	Val	Tyr	Val	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	Pro	Asp	Ala	Gln		
	965					970					975						
gcc	gtc	gtc	cga	tgg	cca	gac	tcg	gcg	gtc	aca	gaa	gga	ctc	gcc	cgg	3213	
Ala	Val	Val	Arg	Trp	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Thr	Glu	Gly	Leu	Ala	Arg		
980					985				990						995		
gcc	gtg	ttt	gca	tcg	tcg	cgc	acc	ttt	ggg	cca	gcg	agt	ttt	gct		3258	
Ala	Val	Phe	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Phe	Gly	Pro	Ala	Ser	Phe	Ala			
				1000					1005					1010			
cgt	atc	gag	act	gcg	ttt	gcc	aac	ctg	tac	ccg	ggc	gaa	caa	ccc		3303	
Arg	Ile	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Asn	Leu	Tyr	Pro	Gly	Glu	Gln	Pro			
				1015					1020					1025			
ctg	tgt	ttg	tgc	cgc	ggt	ggg	aac	gtc	gca	tac	acc	gtg	tgt	acc		3348	
Leu	Cys	Leu	Cys	Arg	Gly	Gly	Asn	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	Cys	Thr			
				1030					1035					1040			
cgc	gcg	ggc	ccc	aag	acc	cgc	gtc	ccc	ctg	tcg	ccc	cgt	gaa	tac		3393	
Arg	Ala	Gly	Pro	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Leu	Ser	Pro	Arg	Glu	Tyr			
				1045					1050					1055			
cgg	cag	tac	gtg	ctg	ccg	ggt	ttt	gac	ggt	tgc	aag	gac	ctc	gcg		3438	
Arg	Gln	Tyr	Val	Leu	Pro	Gly	Phe	Asp	Gly	Cys	Lys	Asp	Leu	Ala			
				1060					1065					1070			

cga cag tct cgg ggt ctg ggg ctc ggg gca gcc gac ttt gtg gac	3483
Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe Val Asp	
1075 1080 1085	
gag gcg gca cat agc cac cgc gca gca aac cga tgg ggc ctg ggt	3528
Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly Leu Gly	
1090 1095 1100	
gcc gcg ctt cga ccc gtc ttc ctt ccc gag gga cgg aga ccg ggg	3573
Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg Pro Gly	
1105 1110 1115	
gcc gcc ggg ccg gag gcc ggc gac gta ccc acc tgg gcg agg gtg	3618
Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala Arg Val	
1120 1125 1130	
ttt tgc cgc cac gcc ctg ctg gaa ccc gac cct gcc gcg gaa cca	3663
Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala Glu Pro	
1135 1140 1145	
ctc gtg ctt cca ccc gtg gcc ggt cgg tcg gtg gcg ctg tat gcg	3708
Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu Tyr Ala	
1150 1155 1160	
tcg gcg gac gag gct cgg aat gcc ctc ccc ccg att ccc aga gta	3753
Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro Arg Val	
1165 1170 1175	
atg tgg ccg ccc ggt ttt ggg gcc gcg gag acg gtg ttg gag ggg	3798
Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu Glu Gly	
1180 1185 1190	
agc gac gga aca cgg ttc gcg ttc gga cac cac ggg ggc tcg gaa	3843
Ser Asp Gly Thr Arg Phe Ala Phe Gly His His Gly Gly Ser Glu	
1195 1200 1205	
cgg ccg gca gaa acc cag gcg ggg cga cag cgg cgc acc gca gac	3888
Arg Pro Ala Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr Ala Asp	
1210 1215 1220	
gac aga gaa cac gct ttg gag ccg gac gat tgg gag gtg ggg tgt	3933
Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Pro Asp Asp Trp Glu Val Gly Cys	
1225 1230 1235	
gaa gac gcg tgg gac agc gag gag ggg ggc ggg gac gac ggg gac	3978
Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp Gly Asp	
1240 1245 1250	
gca ccg ggg tca tcc ttt ggg gtg agc gtc gtg tcg gtg gcc ccg	4023





Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val  
50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp  
65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln  
85 90 95

Asp Leu Xaa Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr  
100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser  
115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro  
130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro  
145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala  
165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr  
180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln  
195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His  
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro  
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro  
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln  
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala  
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala  
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro  
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile  
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val  
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser  
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr  
405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu  
420 425 430



Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg  
435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro  
450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val  
465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu  
485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Xaa  
500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala  
515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu  
530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr  
545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser  
565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu  
580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg  
595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg  
610 615 620

Ala Phe Ala Gly Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala  
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln  
645 650 655

Thr Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys  
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro  
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala  
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg  
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro  
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe  
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln  
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp  
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro  
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg  
805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala  
820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile  
           835                                  840                                  845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr  
           850                                  855                                  860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu  
  865                                  870                                  875                                  880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr  
                                   885                                  890                                  895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu  
                                   900                                  905                                  910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala  
                                   915                                  920                                  925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg  
           930                                  935                                  940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Gly Asp Gly  
  945                                  950                                  955                                  960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro  
                                   965                                  970                                  975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly  
                                   980                                  985                                  990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser  
           995                                  1000                                  1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu  
           1010                                  1015                                  1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val  
           1025                                  1030                                  1035



Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg  
1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp  
1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe  
1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly  
1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg  
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala  
1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala  
1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu  
1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro  
1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu  
1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Ala Phe Gly His His Gly Gly  
1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ala Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr  
1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Pro Asp Asp Trp Glu Val  
 1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp  
 1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Val Val Ser Val  
 1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Xaa Arg Pro Ala  
 1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
 1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
 1295 1300 1305

Arg Gly  
 1310

<210> 7  
 <211> 8878  
 <212> DNA  
 <213> Artificial

<220>  
 <223> plasmid

<400> 7  
 ttaattaagg ccgcagcttc ctagataact tcgtatagca tacattatac gaagttatgg 60  
 atctcccgcc cagcgtcttg tcattggcga actcgaacac gcagatgcag tcggggcggc 120  
 gcggtcccag gtccacttcg catattaagg tgacacgcgc ggcctcgaac acagctgcag 180  
 gccatgagcg aaaaatacat cgtcacctgg gacatgttgc agatccatgc acgtaaactc 240  
 gcaagccgac tgatgccttc tgaacaatgg aaaggcatta ttgccgtaag ccgtggcggt 300  
 ctggtaccgg gtgcgttact ggcgcgtaga ctgggtattc gtcatgtcga taccgtttgt 360  
 atttccagct acgatcacga caaccagcgc gagcttaaag tgctgaaacg cgcagaaggc 420

gatggcgaag gcttcatcgt tattgatgac ctggtggata ccggtggtac tgcggttgcg 480  
attcgtgaaa tgtatccaaa agcgcacttt gtcaccatct tcgcaaaacc ggctggctcg 540  
ccgctgggtg atgactatgt tgttgatata ccgcaagata cctggattga acagccgtgg 600  
gatatgggcg tcgtattcgt cccgccaatc tccggtcgct aaccggtagc ggatcatcta 660  
gacccgggta ccgttaactt gtttattgca gcttataatg gttacaaata aagcaatagc 720  
atcacaaatt tcacaaataa agcatttttt tcactgcatt ctagttgtgg tttgtccaaa 780  
ctcatcaatg tatcittatca tgtctggatc cccattctca tgtttgacag cttatcatcg 840  
aatttctgcc attcatccgc ttattatcac ttattcaggc gtagcaacca ggcgtttaag 900  
ggcaccaata actgccttaa aaaaattacg ccccgccctg ccactcatcg cagtactgtt 960  
gtaattcatt aagcattctg ccgacatgga agccatcaca gacggcatga tgaacctgaa 1020  
tcgccagcgg catcagcacc ttgtcgcctt gcgtataata ttgccccatg gtgaaaacgg 1080  
gggcgaagaa gttgtccata ttggccacgt ttaaatcaaa actggtgaaa ctcaccagg 1140  
gattggctga gacgaaaaac atattctcaa taaacccttt agggaaatag gccaggtttt 1200  
caccgtaaca cgccacatct tgcgaatata tgtgtagaaa ctgccggaaa tcgtcgtggt 1260  
attcactcca gagcgatgaa aacgtttcag ttgctcatg gaaaacgggtg taacaagggt 1320  
gaacactatc ccataccacc agctcaccgt ctttcattgc catacggaat tccggatgag 1380  
cattcatcag gcgggcaaga atgtgaataa aggccggata aaacttgtgc ttatttttct 1440  
ttacggctctt taaaaaggcc gtaatatcca gctgaacgggt ctggttatag gtacattgag 1500  
caactgactg aaatgcctca aaatgttctt tacgatgcca ttgggatata tcaacgggtg 1560  
tatatccagt gatTTTTTtccatttttag cttccttagc tcctgaaaat ctcgataact 1620  
caaaaaatac gcccggtagt gatcttattt cattatgggtg aaagtggaa cctcttacgt 1680  
gccgatcaac gtctcatTTT cgccaaaagt tggcccagggt cttcccggta tcaacaggga 1740  
caccaggatt tattttattct gcgaagtgat cttccgtcac aggtattttat tcgcgataag 1800  
ctcatggagc ggcgtaaccg tcgcacagga aggacagaga aagcgcggtat ctgggaagtg 1860  
acggacagaa cggtcaggac ctggattggg gaggcggttg ccgccgctgc tgctgacggt 1920



gtgacgttct ctgttccggt cacaccacat acgttccgcc attcctatgc gatgcacatg 1980  
ctgtatgccg gtataccgct gaaagtctg caaagcctga tgggacataa gtccatcagt 2040  
tcaacggaag tctacacgaa ggTTTTTgcg ctggatgtgg ctgcccggca ccgggtgcag 2100  
tttgcgatgc cggagtctga tgcggttgcg atgctgaaac aattatcctg agaataaatg 2160  
ccttggcctt tataatggaaa tgtggaactg agtggatatg ctgtttttgt ctgttaaaca 2220  
gagaagctgg ctgttatcca ctgagaagcg aacgaaacag tcgggaaaat ctcccattat 2280  
cgtagagatc cgcattatta atctcaggag cctgtgtagc gtttatagga agtagtggtc 2340  
tgtcatgatg cctgcaagcg gtaacgaaaa cgatttgaat atgccttcag gaacaataga 2400  
aatcttcgtg cgggtgttacg ttgaagtgga gcggattatg tcagcaatgg acagaacaac 2460  
ctaataaaca cagaacctg atgtggtctg tcctttttaca gccagtaggc tcgccgcagt 2520  
cgagcgacgg cgaagccctc gaggagcga ggaagcacca gggaacagca cttatatatt 2580  
ctgcttacac acgatgcctg aaaaaacttc ccttgggggtt atccacttat ccacggggat 2640  
atTTTTataa ttatTTTTTT tatagTTTT agatcttctt ttttagagcg ccttgtaggc 2700  
ctttatccat gctggttcta gagaagggtg tgtgacaaat tgccctttca gtgtgacaaa 2760  
tcaccctcaa atgacagtcc tgtctgtgac aaattgccct taaccctgtg acaaattgcc 2820  
ctcagaagaa gctgtTTTT cacaagtta tccctgctta ttgactctt tttatttagt 2880  
gtgacaatct aaaaacttgt cacacttcac atggatctgt catggcggaa acagcggtta 2940  
tcaatcacia gaaacgtaaa aatagcccg cgaatcgcca gtcaaacgac ctactgagg 3000  
cggcatatag tctctcccgg gatcaaaaac gtatgctgta tctgttcgtt gaccagatca 3060  
gaaaatctga tggcacccta caggaacatg acggtatctg cgagatccat gttgctaaat 3120  
atgctgaaat attcggattg acctctgcgg aagccagtaa ggatatacgg caggcattga 3180  
agagtttcgc ggggaaggaa gtggTTTTTT atcgccctga agaggatgcc ggcgatgaaa 3240  
aaggctatga atcttttctt tggtttatca aacgtgcgca cagtccatcc agagggcttt 3300  
acagtgtaca tatcaacca tatctcattc ctttctttat cgggttacag aaccggttta 3360  
cgagtttcg gcttagtgaa aaaaaagaaa tcaccaatcc gtatgccatg cgtttatacg 3420

aatccctgtg tcagtatcgt aagccggatg gctcaggcat cgtctctctg aaaatcgact 3480  
ggatcataga gcgttaccag ctgcctcaaa gttaccagcg tatgcctgac ttccgccgcc 3540  
gcttcctgca ggtctgtgtt aatgagatca acagcagaac tccaatgcgc ctctcataca 3600  
ttgagaaaaa gaaaggccgc cagacgactc atatcgtatt ttccttccgc gatatactt 3660  
ccatgacgac aggatagtct gagggttatc tgtcacagat ttgagggtgg ttcgtcacat 3720  
ttgttctgac ctactgaggg taatttgtca cagttttgct gtttccttca gcctgcatgg 3780  
atthttctcat actthtttgaa ctgtaatttt taaggaagcc aaatttgagg gcagtttgtc 3840  
acagttgatt tccttctctt tcccttcgtc atgtgacctg atatcggggg ttagttcgtc 3900  
atcattgatg agggttgatt atcacagttt attactctga attggctatc cgcgtgtgta 3960  
cctctacctg gagtttttcc cacggtggat atttcttctt gcgctgagcg taagagctat 4020  
ctgacagaac agttcttctt tgcttcctcg ccagttcgct cgctatgctc ggttacacgg 4080  
ctgcggcgag cgctagtgat aataagtgac tgaggtatgt gctcttctta tctccttttg 4140  
tagtgttgct cttatthtaa acaactttgc ggtthtttga tgactttgcg atthttgttg 4200  
tgctttgcag taaattgcaa gatttaataa aaaaacgcaa agcaatgatt aaaggatgtt 4260  
cagaatgaaa ctcatggaaa cacttaacca gtgcataaac gctggtcatg aaatgacgaa 4320  
ggctatcgcc attgcacagt ttaatgatga cagcccggaa gcgaggaaaa taaccggcg 4380  
ctggagaata ggtgaagcag cggatttagt tggggtttct tctcaggcta tcagagatgc 4440  
cgagaaagca gggcgactac cgcacccgga tatggaaatt cgaggacggg ttgagcaacg 4500  
tgttggttat acaattgaac aaattaatca tatgcgtgat gtgtttggta cgcgattgcg 4560  
acgtgctgaa gacgtatttc caccggtgat cggggttgct gcccataaag gtggcgthta 4620  
caaacctca gtttctgttc atcttgctca ggatctggct ctgaaggggc tacgtgtttt 4680  
gctcgtggaa ggtaacgacc cccagggaac agcctcaatg tatcacggat gggtaaccaga 4740  
tcttcatatt catgcagaag acactctcct gcctttctat cttggggaaa aggacgatgt 4800  
cacttatgca ataaagccca cttgctggcc ggggcttgac attattcctt cctgtctggc 4860  
tctgcaccgt attgaaactg agttaatggg caaatttgat gaaggtaaac tgcccaccga 4920

tccacacctg atgctccgac tggccattga aactgttgct catgactatg atgtcatagt 4980  
tattgacagc ggcctaacc tgggtatcgg cacgattaat gtcgtatgtg ctgctgatgt 5040  
gctgattgtt cccacgcctg ctgagttgtt tgactacacc tccgcactgc agtttttcga 5100  
tatgcttcgt gatctgctca agaacgttga tcttaaaggg ttcgagcctg atgtacgtat 5160  
tttgcttacc aaatacagca atagtaatgg ctctcagtcc ccgtggatgg aggagcaaata 5220  
tcgggatgcc tggggaagca tggttctaaa aaatgttgta cgtgaaacgg atgaagttgg 5280  
taaaggctcag atccggatga gaactgtttt tgaacaggcc attgatcaac gctcttcaac 5340  
tggtgcctgg agaaatgctc tttctatttg ggaacctgtc tgcaatgaaa ttttcgatcg 5400  
tctgattaaa ccacgctggg agattagata atgaagcgtg cgcctgttat tccaaaacat 5460  
acgtcaata ctcaaccggt tgaagatact tcgttatcga caccagctgc cccgatgggtg 5520  
gattcgtaa ttgcgcgctg aggagtaatg gctcgcggtg atgccattac tttgcctgta 5580  
tgtggtcggg atgtgaagtt tactcttgaa gtgctccggg gtgatagtgt tgagaagacc 5640  
tctcgggtat ggtcaggtaa tgaacgtgac caggagctgc ttactgagga cgcactggat 5700  
gatctcatcc cttcttttct actgactggg caacagacac cggcgttcgg tcgaagagta 5760  
tctgggtgca tagaaattgc cgatgggagt cgccgtcgta aagctgctgc acttaccgaa 5820  
agtgattatc gtgttctggg tggcgagctg gatgatgagc agatggctgc attatccaga 5880  
ttgggtaacg attatcgccc aacaagtgtt tatgaacgtg gtcagcggtt tgcaagccga 5940  
ttgcagaatg aatttgctgg aaatatctt gcgctggctg atgcggaaaa tatttcacgt 6000  
aagattatta cccgctgtat caacaccgcc aaattgccta aatcagttgt tgctcttttt 6060  
tctcaccgcc gtgaactatc tgcccgggtc ggtgatgcac ttcaaaaagc ctttacagat 6120  
aaagaggaat tacttaagca gcaggcatct aaccttcatg agcagaaaaa agctgggggtg 6180  
atatttgaag ctgaagaagt tatcactctt ttaacttctg tgcttaaaac gtcacttgca 6240  
tcaagaacta gttaagctc acgacatcag ttgctcctg gagcgacagt attgtataag 6300  
ggcgataaaa tgggtgctta cctggacagg tctcgtgttc caactgagtg tatagagaaa 6360  
attgaggcca ttcttaagga acttgaaaag ccagcacctt gatgcgacca cgtttttagtc 6420



tacgtttatc tgtctttact taatgtcctt tgttacaggc cagaaagcat aactggcctg 6480  
aatattctct ctgggccac tgttccactt gtatcgtcgg tctgataatc agactgggac 6540  
cacggtccca ctcgtatcgt cggtctgatt attagtctgg gaccacggtc ccactcgtat 6600  
cgtcggtctg attattagtc tgggaccacg gtcccactcg tatcgtcggt ctgataatca 6660  
gactgggacc acggtccac tcgtatcgtc ggtctgatta ttagtctggg accatgggtcc 6720  
cactcgtatc gtcggtctga ttattagtct gggaccacgg tcccactcgt atcgtcggtc 6780  
tgattattag tctggaacca cggtcccact cgtatcgtcg gtctgattat tagtctggga 6840  
ccacggtccc actcgtatcg tcggtctgat tattagtctg ggaccacgat cccactcgtg 6900  
ttgtcggctc gattatcggc ctgggaccac ggtcccactt gtattgtcga tcagactatc 6960  
agcgtgagac tacgattcca tcaatgcctg tcaagggcaa gtattgacat gtcgtcgtaa 7020  
cctgtagaac ggagtaacct cggtgtgcgg ttgtatgcct gctgtggatt gctgctgtgt 7080  
cctgcttata cacaacattt tgcgcacggt tatgtggaca aaatacctgg ttaccacaggc 7140  
cgtgccggca cgtaaacgg gctgcatccg atgcaagtgt gtcgctgtcg agtttaaaca 7200  
tgcatagtta ttaatagtaa tcaattacgg ggtcattagt tcatagccca tatatggagt 7260  
tccgcgttac ataacttacg gtaaattggcc cgcctggctg accgccaac gacccccgcc 7320  
cattgacgtc aataatgacg tatgttccca tagtaacgcc aatagggact ttccattgac 7380  
gtcaatgggt ggagtattta cggtaaactg cccacttggc agtacatcaa gtgtatcata 7440  
tgccaagtac gccccctatt gacgtcaatg acggtaaattg gcccgcttg cattatgccc 7500  
agtacatgac cttatgggac tttcctactt ggcagtacat ctacgtatta gtcacgcta 7560  
ttaccatggt gatgcggttt tggcagtaca tcaatgggcg tggatagcgg tttgactcac 7620  
ggggatttcc aagtctccac cccattgacg tcaatgggag tttgttttgg caccaaaatc 7680  
aacgggactt tccaaaatgt cgtaacaact ccgccccatt gacgcaaatg ggcggtaggc 7740  
gtgtacgggt ggaggtctat ataagcagag ctggtttagt gaaccgtcag atccgctagc 7800  
gctaccggtc gccacatgg tgagcaaggg cgaggagctg ttcaccgggg tggtgcccac 7860  
cctggctcag ctggacggcg acgtaaacgg ccacaagttc agcgtgtccg gcgagggcga 7920

gggcgatgcc acctacggca agctgaccct gaagttcatc tgcaccaccg gcaagctgcc 7980  
cgtgccctgg cccaccctcg tgaccaccct gacctacggc gtgcagtgc ttagccgcta 8040  
ccccgaccac atgaagcagc acgacttctt caagtccgcc atgcccgaag gctacgtcca 8100  
ggagcgcacc atcttcttca aggacgacgg caactacaag acccgcgccg aggtgaagtt 8160  
cgagggcgac accctggtga accgcatcga gctgaagggc atcgacttca aggaggacgg 8220  
caacatcctg gggcacaagc tggagtacaa ctacaacagc cacaacgtct atatcatggc 8280  
cgacaagcag aagaacggca tcaaggtgaa cttcaagatc cgccacaaca tcgaggacgg 8340  
cagcgtgcag ctgcccgcacc actaccagca gaacaccccc atcggcgcacg gccccgtgct 8400  
gctgcccgcac aaccactacc tgagcaccca gtccgccctg agcaaagacc ccaacgagaa 8460  
gcgcgatcac atggtcctgc tggagtctgt gaccgccgcc gggatcactc tcggcatgga 8520  
cgagctgtac aagtccggac tcagatccac cggatctaga taactgatca taatcagcca 8580  
taccacattt gtagaggttt tacttgcttt aaaaaacctc ccacacctcc ccctgaacct 8640  
gaaacataaa atgaatgcaa ttgttggtgt taacttggtt attgcagctt ataatggtta 8700  
caaataaagc aatagcatca caaatctcac aaataaagca tttttttcac tgcattctag 8760  
ttgtggtttg tccaaactca tcaatgtatc ttaaattggc gcataacttc gtatagcata 8820  
cattatacga agttatctag cagatctgaa ttcgatatca agctgcggcc ttaattaa 8878

<210> 8  
<211> 124884  
<212> DNA  
<213> Varicella zoster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1134)..(1850)

<220>  
<221> CDS  
<222> (8607)..(9386)

<220>  
<221> CDS

<222> (10642)..(10902)

<220>

<221> CDS

<222> (11009)..(11917)

<220>

<221> CDS

<222> (12160)..(13392)

<220>

<221> CDS

<222> (13590)..(16049)

<220>

<221> CDS

<222> (16214)..(18199)

<220>

<221> CDS

<222> (18441)..(19346)

<220>

<221> CDS

<222> (24149)..(25516)

<220>

<221> CDS

<222> (30759)..(33875)

<220>

<221> CDS

<222> (34083)..(42374)

<220>

<221> CDS

<222> (44506)..(46263)

<220>

<221> CDS

<222> (50857)..(54471)

<220>

<221> CDS

<222> (54651)..(56963)

<220>

<221> CDS

<222> (57008)..(59614)



<220>  
<221> CDS  
<222> (59766).. (60197)

<220>  
<221> CDS  
<222> (64807).. (65832)

<220>  
<221> CDS  
<222> (66074).. (68599)

<220>  
<221> CDS  
<222> (70633).. (71355)

<220>  
<221> CDS  
<222> (71540).. (75730)

<220>  
<221> CDS  
<222> (75847).. (76797)

<220>  
<221> CDS  
<222> (78170).. (80200)

<220>  
<221> CDS  
<222> (80360).. (81451)

<220>  
<221> CDS  
<222> (82719).. (83318)

<220>  
<221> CDS  
<222> (84667).. (86322)

<220>  
<221> CDS  
<222> (87881).. (90388)

<220>  
<221> CDS  
<222> (90493).. (92808)

<220>  
<221> CDS

<222> (95996)..(98641)

<220>

<221> CDS

<222> (110581)..(111417)

<220>

<221> CDS

<222> (111565)..(112107)

<220>

<221> CDS

<222> (113037)..(114218)

<220>

<221> CDS

<222> (114496)..(115560)

<220>

<221> CDS

<222> (115808)..(117679)

<220>

<221> CDS

<222> (120764)..(124696)

<400> 8

aggccagccc tctcgcggcc ccctcgagag agaaaaaaaa aagcgacccc acctccccgc	60
gcgtttgcgg ggcgaccatc ggggggggatg ggattttttg ccgggaaacc cccccccgcc	120
agcctttaac aaaacccgcg ccttttgcgt ccaccctcg tttactgctc ggatggcgac	180
cgtgcactac tcccgccgac ctgggacccc gccggtcacc ctcacgtcgt ccccagcat	240
ggatgacgtt gcgaccccca tcccctacct acccacatac gccgaggccg tggcagacgc	300
gcccccccct tacagaagcc gcgagagtct ggtgttctcc ccgcctcttt ttcctcacgt	360
ggagaatggc accacccaac agtccttacga ttgcctagac tgcgcttatg atggaatcca	420
cagacttcag ctggcttttc taagaattcg caaatgctgt gtaccggctt ttttaattct	480
ttttggtatt ctcaccctta ctgctgtcgt ggtcgccatt gttgccgttt ttcccaggga	540
acctcccaac tcaactacat gaaactactg tccggaaggg gaaggtatth attctcgtt	600
gcagcttgtc gcgcgtgtat gcacaacaaa agctatatat gtcaccaaag ccaacgtcgc	660
catctggagt actacacca gtacgttgca taacctgtcc atttgcatth tcagttgcgc	720

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5



出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

ccacaatatt acatttttat tagtctttta ttaatataga atcacataaa caattgataa 2630  
aatcaagggg tgggtgtataa tgattaaaaa tataaattga tatgtttttac aagcatgaaa 2690  
taggtattta ctattctaac aggtaaatat gcttaatgat taaaaataca aattagtatg 2750  
ttttgacaag catgaaaaag gtatttttta ttttagcagt taaagggtact acacttaaaa 2810  
tattttaccgt atggacgggc gtcagaaaga tgcccggccc aagttgagag ggtacattca 2870  
acacgaccac actcgcgttg gtgggtgatt agggcctcta aaacaccggc cagacatgac 2930  
ccgggtgtat attcttgtaa cacttgaacg ttacaactga tatcatcata ttccacaaat 2990  
ttagagccac ggacaactat attagcaatg cgggcaatca taacaaacat ataagtagta 3050  
atacacgtga tactactaaa acgttgctgg cgcaacagtt cggggagagt acgagacccc 3110  
aaatcgttgt ccctgttttag aagaagacat cttacaaaag gccccagctt taacttttaa 3170  
ttctccaaaa gtgacttcga ggttgcaaca atgggattat ttgtgtagat gggcaagttt 3230  
tttgccgcta acattttaat ccacgttaac agttcatccg cagactccaa cgcttcaatc 3290  
aaagattctc cacgtatgac tctctcacgc aacgcgcggg caatacgtga gtccatttta 3350  
tatgactcaa aggtacgata aagttcatgt ccgtacaaca tcaactccgg ccaagatgtg 3410  
ttttgtttta tccccgaaa acatccaccg gaagcccatg aatcacctc ttgtattgtg 3470  
gcatatcgga ctaccagttt ttcaattggt tcacttaaata ggcgtaccga gtcaatggtc 3530  
acgctggctc ccgcggtgga gacgacttca atagcacggc ccgtaattcg atcgaccggg 3590  
atatcatact cttttcgaat acgctctcgg cgggcgtctc tcttggaata tcgcaacctg 3650  
tacgattcgt catgtgtctg atcatttctt tctcccgtgg tcattgcagg aggcgttgta 3710  
ggacgccgtc ttcgatttga cagggatcga tcacggtggt ttcttgaact ttgagtgtta 3770  
taagatctgg atgatcgtcg atgtccccgt tcgatgcgtg catatccagt ctccacgtct 3830  
cttcctccat gatggtttga atcgggtaat acaacaacca aagttttcgg gcgattgtgg 3890  
tggtagcttt cacgccttcc gtgccttcgt ttggaatacc gtggattata tgctgtatct 3950  
gcagtacgct ccacatacac agttctagac gttgtggagt cctcgcctgg agtggagcca 4010  
atagcttcat catttgccca atcggtgact tccaatgcaa agtcatccga aggttcgtct 4070

ggtagcaaat tcataaagtc ttcacaaata gtagacacgt ctgggtcggg tggaattgaa 4130  
gcagaggcca tggctgcaaa atatctgaca attgcgtggt tgcagttgcc tgtatcttcc 4190  
gccaatgttg tagaatttat aggctcacc aaccccgcaa tgggcgtggt tagtcacatg 4250  
attaatgctt ctgggagttt tcactttccc caaacaagct tacctgcacc ctttgttcgt 4310  
aatgcataaa aataaccact gctatagcaa atatgacgat ataaaaacat tttatagcaa 4370  
ggccggacat tactgtagcg caacatgttg tgcatatacc acgtattccc cccgtattga 4430  
tatgatttaa atgattatcc ttggttggtt ttggtctaac ataagatata agctctacta 4490  
tagcgagcgt gcatacaaca acccaggcca gaatccgaat gtatgtgggg tataataacg 4550  
cgcatggtgt atatgcaacg ccaagcgta aaagcacaat acatccagat gatatatgag 4610  
cgataacctc caaaagcatc aataacgtaa cacctttatg catatataaa aaacttatag 4670  
ggtcagcatt aaatacttta ctcataccat cccgtcgcgt ggaaacatca cataacaacc 4730  
ttgccaactt tgtatatggg taaccaagaa gaatgttcga aataaccgt gttacgtaat 4790  
tcagtgaata tgatgtgggg gatattaact cacaggatga tcggaatggc ccaaacatac 4850  
gacgtattcg tcgaaattgt aaatacatac catatacaaa ccatgcaaaa aaaatcattt 4910  
ttagctgcac gcaccaaaaa taagcgtgac aattacgtgt tcccagaaca attcgaattt 4970  
tgtcatgcaa aggtgtagaa atagcggttt ttaccatagt atctcctgat aatagatttt 5030  
cccggcagct gtaatcgtat ccagataggc catccaaaaa cggtgagtgg ttacaaaacg 5090  
ttacatatat aagagagttg ttataagacc ccatacaac cgggccacca ttaatcaccg 5150  
tggttgcata cacacactca tgttcaaact ttacacgagc ggtataccat agggtaaaaa 5210  
cagcatgtcc gctaagtaga cacataatta taaaatgttc tgtcttgatt cctaaagcct 5270  
gcatgacccg tggaagatgg caattcaagc acgatgtagt atcacacggt tggtgttaac 5330  
tcgaagttaa atttggataa ttaggtactt ctagagtaaa gattgtatgc atgcgattgc 5390  
tatcgcactt ttagcaaaaa cattgttgtg caagcgaaat acacaaacgg ttgtgatgat 5450  
ccactcgcag agacacaaat gtccggggag ccgttcttcc tccgcgatgg ggatatcgaa 5510  
gacaagtgaa cccttttggt ccgcatatga gctgaaataa caccagtc cttttgatgg 5570



cgatacactt tgatgatgtt aaggtatatt cgcgatcacg cccggggaaa tgaacagcaa 5630  
tatgctccac aatagattct aatattgtgc tgtcgacaaa ggcctccagt gtaaattgcgt 5690  
ccagacaagt taccgccgcg tcttttagag cctttgttaa agatatttgc ggggagctaa 5750  
atatttgttt attacgcgca accttacgtt caaaaaactc tgcgtattcc cccccaaggt 5810  
tatgtaaaat aaattgcact ggaacattcg actgcggtct tgaatgaaa tgaaagtittg 5870  
ccgggtttct atgtgatgtc acaaacgcta atatatcaat acactgctca ggtacaacat 5930  
aaaatgggag tagttgtcca accgccgtcc ctgtggttgt tactttggag aaaaaaggca 5990  
gtcttaaact atgtccgtgg ctataaacac cagtatctat aaacgaaaag tcccgtaaat 6050  
acggaccaat atattcaaca aattcccgtt ccagcaacac cgcttgctgt aatatttgtg 6110  
caaaccctt taaagtggaa gacccacta acgcataggg atttgggatt ggtacgcata 6170  
ccctgaaacc tattttctct ttacagttac agggtagagt ttcatgcaag ttttcattgt 6230  
ttgatacatc ggcgtgtgta tggacttcag acgttgtctg tgtatcaaaa aaccatacat 6290  
cctctgtata attctcttct acacacgtgt ataattcgcc attttctatg taaaaatcga 6350  
tgtcagaatg gctggttata tccaataaat tatcatcatc caacacctca acggtaggtt 6410  
caggacatgc agttttataa aaataacatg ggtctttgtt agggtttacc acggcctttg 6470  
gaaaaagtaa ttgcatggcc gttaaaatac catgacgaaa tgctcgcatg ccggcatgta 6530  
aaatacccaa tgggatgggt tttcttatat gaaagtctac atcaagtatg aggtttgtga 6590  
ttataagatt tgtattaaat agctcattcc tgtttatata aagctgatct ttgggtatgt 6650  
ttgatgaaat tttagaaacg tttttaacag acgtagataa tagtaaagtc aactgcatat 6710  
ctcgtagtga agcggcaaca aaattacatg gattaatttg ttttaagggtcc tccgcaatta 6770  
atcgagcctc gtgcggtaaa gtgtaacggt ttgttattga tgaccacgta tcattagcaa 6830  
taacagcaaa tgcttgggcg ccgtgaggca aggctaccgc atatacaggc attggtccag 6890  
ttacctcaga atggccgatg agggcttcta atggagtttt ataactcagg atggatacat 6950  
catgtgtggc tatcccagtg gcagcagaga aaaacagtaa tagttttgta atccccgggc 7010  
tcgtatcaaa accagtacga ccactttggt taggtgtatc gtttgcaaag ttggctgctc 7070

gtaacgcctc cgcggaaca cccgaatcct caaaattaga caattcgtca aaaccgggtg 7130  
gatttgaggg aatagtggag gaccatccat atggactaaa ttgtttttca atgtttttcca 7190  
cacgacgagt tagcgttgta gctaggtcac atacgcctat aaacttgcta ggttttgcgg 7250  
catacgtaag acttaaagta tatgttttag taattgtata tttatgtcca atctcaggtc 7310  
caagttcagt gacatcaca attacgttct tttttatata gtcacgcatg ttgagacgag 7370  
aacgtacatg attaaaaaa ttagcagtag ctctttttcc caggttggat gattttaaga 7430  
ggaccgggtt attcacaaaa tctgagtatg taaccgcttg taggtgggtc gcgatctgtt 7490  
tccgattgaa acattcaaaa tgtgccagat aaatataatc aacaaattca cggctctggaa 7550  
ctttaaggcc ttttctatcg ttggtaatat actccgatac tgcgtgtatt tccgttgtgt 7610  
ctgtatgtat tcgctgtaaa atgtacgata gagcattttt ggctgtcaaa cctcgtgtat 7670  
atgttgagga acaacaaaac atggaaagtt tatcaaaaga caacaagtcc gaaatattgt 7730  
accactaca attaggtaat gccgggactt ggtaagttaa aaacaaatct ttaattgcct 7790  
gtaagtcata taaggggggtt tccaacgtat tgtaacttgt gtccgtttgt aacaagtaat 7850  
agcgtgtagc caacactagc gttttttcag aggggtccaaa tcgaacaata taccaaaacg 7910  
gcgagcatcc atacccccag tagagtcgtc gatatgcagc caatacttga cgttcgtaat 7970  
gggcatataa tgatgttagc tcctgacgac caacggatth ttttaactaac ttgcagagtg 8030  
ttgcctctgt gatgcatagg ccgttgtccg ataatccctt tcggttttaa tgggtgtgtg 8090  
ttaccatcag agtttgtata acttccgagt gaatgtcaaa cgtctccgat atacataggg 8150  
tatcagatat tatatgcgga tttaggggtg ctccatacca taacgcctta tataaagctt 8210  
taaaatcagt ttgggtttta aaacaacaaa aaaatatagg ccagaccgg gatcgtacat 8270  
ctccagttga aaatccacca attaaataaa aaataacgtt gacgtcccta ctacaaaata 8330  
aatgcattat ttggttttct tcatcgtttt cagttacttc acgtgggcgt ttagttggga 8390  
ttacttgctg gatctcttcc ctcccattht tgacaaagac gtcattctaa tcgggagttc 8450  
aagtataact caccacatac agaggttctg tgcttatctg cccggtaagc aacaacagcg 8510  
agtgggagat tgcacatccc tttgtggcaa ataataaccg aatcgtcgg ttggaggatt 8570

tatccatagt tcaatacggtt ggaaagccag tcaatc	atg cag acg gtg tgt gcc	8624
	Met Gln Thr Val Cys Ala	
	240	
agc tta tgt gga tat gct cga ata cca act gaa gag cca tct tat gaa	8672	
Ser Leu Cys Gly Tyr Ala Arg Ile Pro Thr Glu Glu Pro Ser Tyr Glu		
245 250 255 260		
gag gtg cgt gta aac acg cac ccc caa gga gcc gcc ctg ctc cgc ctc	8720	
Glu Val Arg Val Asn Thr His Pro Gln Gly Ala Ala Leu Leu Arg Leu		
265 270 275		
caa gag gct tta acc gct gtg aat gga tta ttg cct gca cct cta acg	8768	
Gln Glu Ala Leu Thr Ala Val Asn Gly Leu Leu Pro Ala Pro Leu Thr		
280 285 290		
tta gaa gac gta gtc gct tct gca gat aat acc cgt cgt ttg gtc cgc	8816	
Leu Glu Asp Val Val Ala Ser Ala Asp Asn Thr Arg Arg Leu Val Arg		
295 300 305		
gcc cag gct ttg gcg cga act tac gct gca tgt tct cgt aac att gaa	8864	
Ala Gln Ala Leu Ala Arg Thr Tyr Ala Ala Cys Ser Arg Asn Ile Glu		
310 315 320		
tgt tta aaa cag cac cat ttt act gaa gat aac ccc ggt ctt aac gcc	8912	
Cys Leu Lys Gln His His Phe Thr Glu Asp Asn Pro Gly Leu Asn Ala		
325 330 335 340		
gtg gtc cgt tca cac atg gaa aac tca aaa cgg ctt gct gat atg tgt	8960	
Val Val Arg Ser His Met Glu Asn Ser Lys Arg Leu Ala Asp Met Cys		
345 350 355		
tta gct gca att acc cat ttg tat tta tcg gtt ggc gcg gtg gat gtt	9008	
Leu Ala Ala Ile Thr His Leu Tyr Leu Ser Val Gly Ala Val Asp Val		
360 365 370		
act acg gat gat att gtc gat caa acc ctg aga atg acc gct gaa agt	9056	
Thr Thr Asp Asp Ile Val Asp Gln Thr Leu Arg Met Thr Ala Glu Ser		
375 380 385		
gaa gtg gtc atg tct gat gtt gtt ctt ttg gag aaa act ctt ggg gtc	9104	
Glu Val Val Met Ser Asp Val Val Leu Leu Glu Lys Thr Leu Gly Val		
390 395 400		
gtt gct aaa cct cag gca tcg ttt gat gtt tcc cac aac cat gaa tta	9152	
Val Ala Lys Pro Gln Ala Ser Phe Asp Val Ser His Asn His Glu Leu		
405 410 415 420		
tct ata gct aaa ggg gaa aat gtg ggt tta aaa aca tca cct att aaa	9200	

Ser Ile Ala Lys Gly Glu Asn Val Gly Leu Lys Thr Ser Pro Ile Lys	
425 430 435	
tcg gag gcg aca caa tta tct gaa att aaa ccc cca ctt ata gaa gta	9248
Ser Glu Ala Thr Gln Leu Ser Glu Ile Lys Pro Pro Leu Ile Glu Val	
440 445 450	
tcg gat aat aac aca tct aac cta aca aaa aaa acg tat ccg aca gaa	9296
Ser Asp Asn Asn Thr Ser Asn Leu Thr Lys Lys Thr Tyr Pro Thr Glu	
455 460 465	
act ctt cag ccc gtg ttg acc cca aaa cag acg caa gat gta caa cgc	9344
Thr Leu Gln Pro Val Leu Thr Pro Lys Gln Thr Gln Asp Val Gln Arg	
470 475 480	
aca acc ccc gcg atc aag aaa tcc cat gtt atg ctt gta taa	9386
Thr Thr Pro Ala Ile Lys Lys Ser His Val Met Leu Val	
485 490 495	
atattgaaat aaaaactaaa aacgtttctg gtgtatgttt ttattttgta tataaaatta	9446
aaacattgct ggctggcgtg gttattacat ttaatgtttt agtagaaaat cgacatcggt	9506
tgtttcttta tcagttgaac caaatccacg cgttccccgt tcgctgggtg tggctattag	9566
atctaacgtt ttagtaaaat accattgtac acccggtatg ccacatttac cgcggatagc	9626
ataaggaaat gcaatattac ttaaaacgtt gtgttttaag tgtatttggg tgttgtgatc	9686
tattaacagg acctgtgcaa gacgatctcc cgtttttata cgtatgtcat caccctgag	9746
attatatacg tagaatttac agtgttctcc tgcaggccat gccgttggac acacgataat	9806
gcctgatcgg cttttcgatg atcttccaaa aatataagcg tttatactcg gatgttgtaa	9866
gtcccagtct cttataatcg gtaagacaat tttataaat tcattccttt ttaaatatag	9926
gttatatggt acacaaatat cataatccgc gtcttcttgg cgtttttgat tgatgatatg	9986
tttgtagggt aagggaacat cgatatggta ttctgcagaa tccctatgta aagggtgccc	10046
ctgctgtacc gtggaaatat cagcaaattc aggtataacg ggtttttcat aatttgacgg	10106
cgagtttgat aagggttgaa cttgtatcga tttaaaaatt ggatccagat gttaagaac	10166
gttttttggg agaaggcgac ttgtcttaa tttaccggg aacaagtaga ttgttaaattg	10226
tccgggtaaa ataacggtta ctctggccg gtaatacaaa agggctgaaa ttactcctct	10286
gtaacccgca tcaataactc cgttggcgac aaaaaattg tcttcatcag caagggcagt	10346



atctttgcat tgaattaaca acagtgcgta ttcatggga ggcgccgact taaccaacag 10406  
 ctccaactgc tgcataataa aaccgccccg tgttacagat ttttcagatg gcagttcgag 10466  
 tttcttgtgg ttccggagta acaacggttg atgtcgactt actttatcgt ctaacacgca 10526  
 ttgcagcgta tctgcacatt caggttgaac ttctattaaa attgtatctt ttaaaccaccg 10586  
 attcggaata gtttggctac aaaacatatc acctgtatctt actgccgttt ccaag atg 10644  
 Met

gga tca att acc gct tcg ttc ata tta ata acg atg caa att tta ttt 10692  
 Gly Ser Ile Thr Ala Ser Phe Ile Leu Ile Thr Met Gln Ile Leu Phe  
 500 505 510

ttt tgt gaa gac agc agt ggg gag cca aac ttt gca gaa cgg aat ttt 10740  
 Phe Cys Glu Asp Ser Ser Gly Glu Pro Asn Phe Ala Glu Arg Asn Phe  
 515 520 525 530

tgg cat gcc agc tgt tcg gct cgt gga gtt tat atc gac gga tca atg 10788  
 Trp His Ala Ser Cys Ser Ala Arg Gly Val Tyr Ile Asp Gly Ser Met  
 535 540 545

atc acc acc ctt ttc ttc tac gca tcc ctt ttg ggg gtg tgt gta gcc 10836  
 Ile Thr Thr Leu Phe Phe Tyr Ala Ser Leu Leu Gly Val Cys Val Ala  
 550 555 560

ctt att tcg tta gct tat cat gcg tgt ttc cgg tta ttt act cgt tct 10884  
 Leu Ile Ser Leu Ala Tyr His Ala Cys Phe Arg Leu Phe Thr Arg Ser  
 565 570 575

gta tta cgc agc acg tgg taaacccgtt tgcctataaa aggggcaggc 10932  
 Val Leu Arg Ser Thr Trp  
 580

gtgtataaga gggcccctgt ttaatacgcg gtctgccgtg tttggatatt tcacgaccct 10992

atcgttttatt tacgta atg gca tct tcc gac ggt gac aga ctt tgt cgc tct 11044  
 Met Ala Ser Ser Asp Gly Asp Arg Leu Cys Arg Ser  
 585 590 595

aat gca gtg cgt cgt aaa aca acg cct agt tat tcc gga caa tat cga 11092  
 Asn Ala Val Arg Arg Lys Thr Thr Pro Ser Tyr Ser Gly Gln Tyr Arg  
 600 605 610

acc gcg cgg cga agt gtg gtc gta gga ccc ccc gat gat tca gac gac 11140  
 Thr Ala Arg Arg Ser Val Val Val Gly Pro Pro Asp Asp Ser Asp Asp  
 615 620 625

tcg ttg ggt tac att acc aca gtt ggg gcc gat tct cct tct cca gtg Ser Leu Gly Tyr Ile Thr Thr Val Gly Ala Asp Ser Pro Ser Pro Val 630 635 640	11188
tac gcg gat ctt tat ttt gaa cat aaa aat acg acc cct cgc gta cat Tyr Ala Asp Leu Tyr Phe Glu His Lys Asn Thr Thr Pro Arg Val His 645 650 655 660	11236
caa cca aac gac tcc agc gga tcg gaa gat gac ttt gaa gac atc gat Gln Pro Asn Asp Ser Ser Gly Ser Glu Asp Asp Phe Glu Asp Ile Asp 665 670 675	11284
gaa gta gtg gcc gcc ttt cgg gag gcc cgt ttg aga cat gaa ctg gtt Glu Val Val Ala Ala Phe Arg Glu Ala Arg Leu Arg His Glu Leu Val 680 685 690	11332
gaa gat gct gta tat gaa aac ccg cta agt gta gaa aaa cca tct aga Glu Asp Ala Val Tyr Glu Asn Pro Leu Ser Val Glu Lys Pro Ser Arg 695 700 705	11380
tct ttt act aaa aat gcg gcg gtt aaa cct aaa tta gag gat tca ccg Ser Phe Thr Lys Asn Ala Ala Val Lys Pro Lys Leu Glu Asp Ser Pro 710 715 720	11428
aag cga gct ccc ccg gga gca ggc gca att gcc agc ggg aga cca att Lys Arg Ala Pro Pro Gly Ala Gly Ala Ile Ala Ser Gly Arg Pro Ile 725 730 735 740	11476
tcc ttc agc act gca cca aaa acc gca aca agc tcg tgg tgc ggt cct Ser Phe Ser Thr Ala Pro Lys Thr Ala Thr Ser Ser Trp Cys Gly Pro 745 750 755	11524
acg cca tca tat aac aaa cgc gtc ttt tgt gaa gcg gtc cgg cgc gta Thr Pro Ser Tyr Asn Lys Arg Val Phe Cys Glu Ala Val Arg Arg Val 760 765 770	11572
gcc gcc atg cag gca caa aag gct gcc gaa gcg gct tgg aat agt aat Ala Ala Met Gln Ala Gln Lys Ala Ala Glu Ala Ala Trp Asn Ser Asn 775 780 785	11620
ccc cca agg aat aac gcc gaa tta gac cgt ttg tta acc gga gcc gtt Pro Pro Arg Asn Asn Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Thr Gly Ala Val 790 795 800	11668
att cgt att acg gtg cat gag ggt tta aat tta ata caa gcc gct aat Ile Arg Ile Thr Val His Glu Gly Leu Asn Leu Ile Gln Ala Ala Asn 805 810 815 820	11716
gaa gca gac cta ggt gaa gga gca tcg gta tcc aaa cgt gga cat aat	11764

Glu	Ala	Asp	Leu	Gly	Glu	Gly	Ala	Ser	Val	Ser	Lys	Arg	Gly	His	Asn	
				825					830					835		
cga	aaa	act	gga	gat	tta	cag	ggg	ggc	atg	ggt	aat	gaa	cct	atg	tac	11812
Arg	Lys	Thr	Gly	Asp	Leu	Gln	Gly	Gly	Met	Gly	Asn	Glu	Pro	Met	Tyr	
			840					845					850			
gca	caa	gtt	cgt	aag	cca	aaa	agt	cga	acg	gat	aca	caa	acg	act	ggg	11860
Ala	Gln	Val	Arg	Lys	Pro	Lys	Ser	Arg	Thr	Asp	Thr	Gln	Thr	Thr	Gly	
		855					860					865				
cgt	ata	act	aat	cga	agt	agg	gcc	cgt	tct	gca	tca	aga	act	gat	acg	11908
Arg	Ile	Thr	Asn	Arg	Ser	Arg	Ala	Arg	Ser	Ala	Ser	Arg	Thr	Asp	Thr	
	870					875				880						
cga	aaa	tag	ggatataatt	acgcagtaac	ggttttacccg	gtattatgta										11957
Arg	Lys															
885																
taataaataa	acgtataaaa	gacagtcgtg	gtttgtgttt	attataaatg	tgtattatat											12017
gtcacatatt	ataaactggt	taaatagtag	cacgtgggtat	tatgaacagt	ttataatcag											12077
ttgctacca	acaaacccca	ttagacggcg	ggttttgata	aagggaatcg	cttattttaa											12137
ctaaagattt	tactctataa	gt	atg	gag	tgt	aat	tta	gga	acc	gaa	cat	cct				12189
			Met	Glu	Cys	Asn	Leu	Gly	Thr	Glu	His	Pro				
							890					895				
agt	aca	gat	acg	tgg	aat	cgt	agt	aaa	acg	gaa	caa	gcg	gtt	gtg	gac	12237
Ser	Thr	Asp	Thr	Trp	Asn	Arg	Ser	Lys	Thr	Glu	Gln	Ala	Val	Val	Asp	
			900					905					910			
gca	ttt	gat	gaa	tcg	ttg	ttt	ggt	gat	gta	gca	tcg	gat	att	gga	ttt	12285
Ala	Phe	Asp	Glu	Ser	Leu	Phe	Gly	Asp	Val	Ala	Ser	Asp	Ile	Gly	Phe	
		915					920					925				
gaa	acg	tcg	tta	tat	tca	cat	gca	gtt	aaa	act	gct	ccg	tct	ccg	cct	12333
Glu	Thr	Ser	Leu	Tyr	Ser	His	Ala	Val	Lys	Thr	Ala	Pro	Ser	Pro	Pro	
	930					935					940					
tgg	gta	gct	agc	cct	aaa	att	tta	tat	caa	cag	tta	ata	cgg	gat	ctt	12381
Trp	Val	Ala	Ser	Pro	Lys	Ile	Leu	Tyr	Gln	Gln	Leu	Ile	Arg	Asp	Leu	
945					950					955					960	
gat	ttt	tca	gaa	ggg	ccg	cgt	tta	cta	tca	tgt	ctt	gaa	acc	tgg	aac	12429
Asp	Phe	Ser	Glu	Gly	Pro	Arg	Leu	Leu	Ser	Cys	Leu	Glu	Thr	Trp	Asn	
			965					970						975		
gag	gat	tta	ttc	tca	tgt	ttt	cct	att	aat	gag	gac	cta	tat	tcc	gat	12477

Glu Asp Leu Phe Ser Cys Phe Pro Ile Asn Glu Asp Leu Tyr Ser Asp  
                   980                                  985                                  990

atg atg gtt tta tcc ccg gat cca gat gac gtt atc tca acc gtt tca 12525  
 Met Met Val Leu Ser Pro Asp Pro Asp Asp Val Ile Ser Thr Val Ser  
                   995                                  1000                                  1005

acc aaa gac cat gtt gaa atg ttt aat tta aca acc cgg ggt tcc 12570  
 Thr Lys Asp His Val Glu Met Phe Asn Leu Thr Thr Arg Gly Ser  
                   1010                                  1015                                  1020

gtt cga ttg cct agt cca cca aag caa ccg acg ggg ctt cca gct 12615  
 Val Arg Leu Pro Ser Pro Pro Lys Gln Pro Thr Gly Leu Pro Ala  
                   1025                                  1030                                  1035

tac gtt cag gag gtc cag gat tcg ttt acc gta gaa cta cgc gcc 12660  
 Tyr Val Gln Glu Val Gln Asp Ser Phe Thr Val Glu Leu Arg Ala  
                   1040                                  1045                                  1050

cgg gaa gaa gca tac aca aaa cta cta gtt act tat tgt aaa tcg 12705  
 Arg Glu Glu Ala Tyr Thr Lys Leu Leu Val Thr Tyr Cys Lys Ser  
                   1055                                  1060                                  1065

att ata cgt tat ctc caa gga acg gcg aaa agg acg aca ata ggt 12750  
 Ile Ile Arg Tyr Leu Gln Gly Thr Ala Lys Arg Thr Thr Ile Gly  
                   1070                                  1075                                  1080

ctt aat ata caa aac cct gac cag aaa gct tac acg caa ctc agg 12795  
 Leu Asn Ile Gln Asn Pro Asp Gln Lys Ala Tyr Thr Gln Leu Arg  
                   1085                                  1090                                  1095

caa agt att cta ctt aga tat tat cgt gag gtg gca agt ttg gcg 12840  
 Gln Ser Ile Leu Leu Arg Tyr Tyr Arg Glu Val Ala Ser Leu Ala  
                   1100                                  1105                                  1110

cgt ctt ctg tac cta cat tta tat tta acc gta acg cgt gaa ttt 12885  
 Arg Leu Leu Tyr Leu His Leu Tyr Leu Thr Val Thr Arg Glu Phe  
                   1115                                  1120                                  1125

tcc tgg cgt ttg tac gcc agt caa tct gca cac ccg gac gtg ttt 12930  
 Ser Trp Arg Leu Tyr Ala Ser Gln Ser Ala His Pro Asp Val Phe  
                   1130                                  1135                                  1140

gcg gct tta aaa ttc acc tgg acc gaa cgt cga cag ttc acg tgt 12975  
 Ala Ala Leu Lys Phe Thr Trp Thr Glu Arg Arg Gln Phe Thr Cys  
                   1145                                  1150                                  1155

gcg ttt cat cct gta tta tgc aac cac ggc att gtg tta tta gaa 13020  
 Ala Phe His Pro Val Leu Cys Asn His Gly Ile Val Leu Leu Glu  
                   1160                                  1165                                  1170



ggg aaa cca cta aca gcg tct gcc ttg agg gaa ata aat tac cgc Gly Lys Pro Leu Thr Ala Ser Ala Leu Arg Glu Ile Asn Tyr Arg 1175 1180 1185	13065
cgc cga gaa ctg gga ctg cct cta gtt aga tgt ggt ctt gtt gaa Arg Arg Glu Leu Gly Leu Pro Leu Val Arg Cys Gly Leu Val Glu 1190 1195 1200	13110
gaa aac aaa tct ccg ttg gtt caa caa ccc tca ttt tcg gtt cat Glu Asn Lys Ser Pro Leu Val Gln Gln Pro Ser Phe Ser Val His 1205 1210 1215	13155
tta cca cgg tcg gtg ggt ttt ctt acc cac cac att aag cgt aag Leu Pro Arg Ser Val Gly Phe Leu Thr His His Ile Lys Arg Lys 1220 1225 1230	13200
tta gac gca tat gcg gtc aaa cat cct caa gaa ccg aga cat gta Leu Asp Ala Tyr Ala Val Lys His Pro Gln Glu Pro Arg His Val 1235 1240 1245	13245
cga gcg gat cat cct tac gca aaa gtt gtt gaa aat aga aac tac Arg Ala Asp His Pro Tyr Ala Lys Val Val Glu Asn Arg Asn Tyr 1250 1255 1260	13290
ggt agt agc atc gaa gct atg att tta gca cct ccg tcc cca tcc Gly Ser Ser Ile Glu Ala Met Ile Leu Ala Pro Pro Ser Pro Ser 1265 1270 1275	13335
gag atc ctg ccg ggg gac cca cca cgc cca ccc acg tgt ggg ttt Glu Ile Leu Pro Gly Asp Pro Pro Arg Pro Pro Thr Cys Gly Phe 1280 1285 1290	13380
tta acg cgt taa acgtcattgg ggttagagggt gtaaataaat tacgaaaacg Leu Thr Arg 1295	13432
tgcatgcgtt ttttatTTTTT acaatgcgcc gtatatggta tgtctgtcat gtgctctaaa	13492
gtcccatata taaaagaagc cccaacgagt gtatgcgtat tgcgtaccgc gaccctggga	13552
tgTTTTacag gcgcgtttgt ttgtctcggt tataagt atg cag tcg ggt cat tat Met Gln Ser Gly His Tyr 1300	13607
aac cgg agg caa tcc cgc cga cag cgg ata tcg tct aat acc aca Asn Arg Arg Gln Ser Arg Arg Gln Arg Ile Ser Ser Asn Thr Thr 1305 1310 1315	13652
gac tcc ccc cgt cac aca cac gga aca cgt tat cgg tca acc aat	13697

Asp	Ser	Pro	Arg	His	Thr	His	Gly	Thr	Arg	Tyr	Arg	Ser	Thr	Asn	
		1320					1325					1330			
tgg	tat	aca	cac	cca	ccc	cag	ata	ttg	tcc	aat	tca	gaa	aca	tta	13742
Trp	Tyr	Thr	His	Pro	Pro	Gln	Ile	Leu	Ser	Asn	Ser	Glu	Thr	Leu	
		1335					1340					1345			
gtt	gcg	gtt	caa	gaa	cta	ctg	aac	tcc	gag	atg	gat	cag	gac	agc	13787
Val	Ala	Val	Gln	Glu	Leu	Leu	Asn	Ser	Glu	Met	Asp	Gln	Asp	Ser	
		1350					1355					1360			
agt	tct	gac	gca	tcg	gat	gat	ttt	ccg	gga	tac	gcc	tta	cat	cat	13832
Ser	Ser	Asp	Ala	Ser	Asp	Asp	Phe	Pro	Gly	Tyr	Ala	Leu	His	His	
		1365					1370					1375			
tct	aca	tat	aat	gga	tcc	gaa	caa	aat	aca	tca	act	tcc	aga	cat	13877
Ser	Thr	Tyr	Asn	Gly	Ser	Glu	Gln	Asn	Thr	Ser	Thr	Ser	Arg	His	
		1380					1385					1390			
gaa	aat	cgc	ata	ttt	aaa	tta	acg	gag	agg	gaa	gct	aat	gag	gaa	13922
Glu	Asn	Arg	Ile	Phe	Lys	Leu	Thr	Glu	Arg	Glu	Ala	Asn	Glu	Glu	
		1395					1400					1405			
atc	aac	atc	aat	acg	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	gag	13967
Ile	Asn	Ile	Asn	Thr	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	
		1410					1415					1420			
gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	14012
Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	
		1425					1430					1435			
gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	att	gac	gac	gag	gga	gag	14057
Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	
		1440					1445					1450			
gcg	gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	att	gac	gac	gag	gga	14102
Ala	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	
		1455					1460					1465			
gag	gcg	gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	gga	14147
Glu	Ala	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Gly	
		1470					1475					1480			
gag	gcg	gag	gag	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	gag	gag	14192
Glu	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	
		1485					1490					1495			
gac	gcg	gcg	gag	gag	gac	gcg	atc	gac	gac	gag	gga	gag	gcg	gag	14237
Asp	Ala	Ala	Glu	Glu	Asp	Ala	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	Glu	Ala	Glu	
		1500					1505					1510			

gag gat tat ttt tct gta agt caa gtt tgc agt cga gac gcg gat	14282
Glu Asp Tyr Phe Ser Val Ser Gln Val Cys Ser Arg Asp Ala Asp	
1515 1520 1525	
gag gtt tat ttt acg tta gac ccg gaa ata agt tac agt acc gat	14327
Glu Val Tyr Phe Thr Leu Asp Pro Glu Ile Ser Tyr Ser Thr Asp	
1530 1535 1540	
ctt cgc att gca aag gtt atg gag cct gcg gta tca aag gaa ctt	14372
Leu Arg Ile Ala Lys Val Met Glu Pro Ala Val Ser Lys Glu Leu	
1545 1550 1555	
aat gta tca aaa cgt tgt gtt gaa cct gtt acc cta aca ggc tct	14417
Asn Val Ser Lys Arg Cys Val Glu Pro Val Thr Leu Thr Gly Ser	
1560 1565 1570	
atg tta gcg cat aat ggg ttt gat gag tcc tgg ttt gct atg cgc	14462
Met Leu Ala His Asn Gly Phe Asp Glu Ser Trp Phe Ala Met Arg	
1575 1580 1585	
gaa tgt acc cgt cgc gaa tat att acg gtc caa gga tta tac gac	14507
Glu Cys Thr Arg Arg Glu Tyr Ile Thr Val Gln Gly Leu Tyr Asp	
1590 1595 1600	
cca att cat tta cgg tat cag ttt gat act tcc cgg atg aca ccc	14552
Pro Ile His Leu Arg Tyr Gln Phe Asp Thr Ser Arg Met Thr Pro	
1605 1610 1615	
cca cag att ttg aga act ata cca gcc ctt cct aac atg aca ctt	14597
Pro Gln Ile Leu Arg Thr Ile Pro Ala Leu Pro Asn Met Thr Leu	
1620 1625 1630	
ggt gaa ctt tta ttg att ttt cct att gaa ttt atg gcc cag cca	14642
Gly Glu Leu Leu Leu Ile Phe Pro Ile Glu Phe Met Ala Gln Pro	
1635 1640 1645	
att tct ata gaa cgt att tta gtt gaa gat gta ttt tta gat agg	14687
Ile Ser Ile Glu Arg Ile Leu Val Glu Asp Val Phe Leu Asp Arg	
1650 1655 1660	
cgg gct tcc agt aaa aca cat aaa tac ggc ccg cgt tgg aat tcc	14732
Arg Ala Ser Ser Lys Thr His Lys Tyr Gly Pro Arg Trp Asn Ser	
1665 1670 1675	
gtc tac gca ctt cca tat aat gcg ggt aaa atg tat gta caa cac	14777
Val Tyr Ala Leu Pro Tyr Asn Ala Gly Lys Met Tyr Val Gln His	
1680 1685 1690	
att cct ggg ttt tat gac gtg tcc tta cgt gct gtg ggc caa gga	14822

Ile	Pro	Gly	Phe	Tyr	Asp	Val	Ser	Leu	Arg	Ala	Val	Gly	Gln	Gly		
		1695					1700					1705				
acg	gcc	att	tgg	cat	cac	atg	ata	tta	tcc	aca	gca	gca	tgc	gct	14867	
Thr	Ala	Ile	Trp	His	His	Met	Ile	Leu	Ser	Thr	Ala	Ala	Cys	Ala		
		1710					1715					1720				
att	tct	aat	cgc	att	tca	cat	gga	gat	gga	tta	gga	ttt	ttg	tta	14912	
Ile	Ser	Asn	Arg	Ile	Ser	His	Gly	Asp	Gly	Leu	Gly	Phe	Leu	Leu		
		1725					1730					1735				
gac	gcg	gca	att	cgt	att	agc	gca	aac	tgt	att	ttt	ttg	gga	cgt	14957	
Asp	Ala	Ala	Ile	Arg	Ile	Ser	Ala	Asn	Cys	Ile	Phe	Leu	Gly	Arg		
		1740					1745					1750				
aac	gat	aat	ttt	ggc	gtg	ggg	gat	cca	tgt	tgg	tta	gaa	gac	cat	15002	
Asn	Asp	Asn	Phe	Gly	Val	Gly	Asp	Pro	Cys	Trp	Leu	Glu	Asp	His		
		1755					1760					1765				
ctt	gcc	gga	tta	cca	cga	gaa	gcc	gta	ccc	gac	gta	ctc	caa	gtg	15047	
Leu	Ala	Gly	Leu	Pro	Arg	Glu	Ala	Val	Pro	Asp	Val	Leu	Gln	Val		
		1770					1775					1780				
aca	cag	ttg	gtt	ttg	cca	aat	cgg	ggt	cca	acg	gtt	gcc	att	atg	15092	
Thr	Gln	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Arg	Gly	Pro	Thr	Val	Ala	Ile	Met		
		1785					1790					1795				
cgt	ggt	ttt	ttt	ggg	gcg	ttg	gca	tat	tgg	ccc	gaa	cta	aga	att	15137	
Arg	Gly	Phe	Phe	Gly	Ala	Leu	Ala	Tyr	Trp	Pro	Glu	Leu	Arg	Ile		
		1800					1805					1810				
gct	ata	agt	gaa	cca	tct	aca	tct	ttg	gtg	cga	tat	gct	acc	ggt	15182	
Ala	Ile	Ser	Glu	Pro	Ser	Thr	Ser	Leu	Val	Arg	Tyr	Ala	Thr	Gly		
		1815					1820					1825				
cac	atg	gaa	ctt	gcc	gaa	tgg	ttt	tta	ttt	tca	cgt	aca	cat	agt	15227	
His	Met	Glu	Leu	Ala	Glu	Trp	Phe	Leu	Phe	Ser	Arg	Thr	His	Ser		
		1830					1835					1840				
tta	aag	cca	caa	ttt	acc	cca	acg	gaa	cgg	gaa	atg	tta	gcg	tca	15272	
Leu	Lys	Pro	Gln	Phe	Thr	Pro	Thr	Glu	Arg	Glu	Met	Leu	Ala	Ser		
		1845					1850					1855				
ttt	ttt	acg	ttg	tat	gtt	act	ctt	ggt	gga	gga	atg	ttg	aac	tgg	15317	
Phe	Phe	Thr	Leu	Tyr	Val	Thr	Leu	Gly	Gly	Gly	Met	Leu	Asn	Trp		
		1860					1865					1870				
atc	tgt	aga	gca	act	gca	atg	tat	tta	gct	gct	cct	tac	cat	tcc	15362	
Ile	Cys	Arg	Ala	Thr	Ala	Met	Tyr	Leu	Ala	Ala	Pro	Tyr	His	Ser		
		1875					1880					1885				



cgt tcg gct	tac atc gcg gtc	tgt gaa tct ctg ccc	tat tac tat	15407
Arg Ser Ala	Tyr Ile Ala Val	Cys Glu Ser Leu Pro	Tyr Tyr Tyr	
1890		1895	1900	
atc ccg gtt	aat agt gac ctg tta	tgt gat tta gag gta	tta ctg	15452
Ile Pro Val	Asn Ser Asp Leu	Leu Cys Asp Leu Glu	Val Leu Leu	
1905		1910	1915	
tta ggc gag	gtc gac ctc cca act	gtt tgt gaa tcc	tac gca act	15497
Leu Gly Glu	Val Asp Leu Pro	Thr Val Cys Glu Ser	Tyr Ala Thr	
1920		1925	1930	
att gca cac	gaa tta acc gga tat	gag gct gtt cgc	aca gca gcc	15542
Ile Ala His	Glu Leu Thr Gly	Tyr Glu Ala Val Arg	Thr Ala Ala	
1935		1940	1945	
aca aat ttt	atg ata gag ttt gcc	gat tgt tat aag gaa	agt gag	15587
Thr Asn Phe	Met Ile Glu Phe	Ala Asp Cys Tyr Lys	Glu Ser Glu	
1950		1955	1960	
acc gat tta	atg gta agc gcg tac	ctg ggg gcc gtt tta	ttg tta	15632
Thr Asp Leu	Met Val Ser Ala	Tyr Leu Gly Ala Val	Leu Leu Leu	
1965		1970	1975	
caa cgg gtg	ttg ggt cat gca aat	ctt ctt ttg ttg ctt	ctc tcc	15677
Gln Arg Val	Leu Gly His Ala	Asn Leu Leu Leu Leu	Leu Leu Ser	
1980		1985	1990	
ggt gct gcg	ttg tac gga gga tgt	tca att tac atc ccc	cga ggt	15722
Gly Ala Ala	Leu Tyr Gly Gly	Cys Ser Ile Tyr Ile	Pro Arg Gly	
1995		2000	2005	
att tta gat	gca tat aat act tta	atg ttg gca gca agt	cct ctt	15767
Ile Leu Asp	Ala Tyr Asn Thr	Leu Met Leu Ala Ala	Ser Pro Leu	
2010		2015	2020	
tac gct cac	caa act tta aca tcc	ttt tgg aaa gac cgc	gat gat	15812
Tyr Ala His	Gln Thr Leu Thr	Ser Phe Trp Lys Asp	Arg Asp Asp	
2025		2030	2035	
gca atg caa	act ttg ggg att cga	ccg aca acg gac gtt	tta ccc	15857
Ala Met Gln	Thr Leu Gly Ile	Arg Pro Thr Thr Asp	Val Leu Pro	
2040		2045	2050	
aaa gag caa	gac agg ata gtt cag	gca tca cct ata gag	atg aac	15902
Lys Glu Gln	Asp Arg Ile Val	Gln Ala Ser Pro Ile	Glu Met Asn	
2055		2060	2065	
ttc cgt ttt	gtg gga ttg gag acc	atc tat ccc cga gaa	cag ccc	15947

Phe	Arg	Phe	Val	Gly	Leu	Glu	Thr	Ile	Tyr	Pro	Arg	Glu	Gln	Pro		
		2070					2075					2080				
att	ccc	tcc	gtg	gac	cta	gcc	gaa	aat	ctt	atg	caa	tac	agg	aat	15992	
Ile	Pro	Ser	Val	Asp	Leu	Ala	Glu	Asn	Leu	Met	Gln	Tyr	Arg	Asn		
		2085					2090					2095				
gaa	att	ctg	ggt	ttg	gat	tgg	aaa	agc	gta	gcc	atg	cat	tta	cta	16037	
Glu	Ile	Leu	Gly	Leu	Asp	Trp	Lys	Ser	Val	Ala	Met	His	Leu	Leu		
		2100					2105					2110				
cga	aaa	tat	taa	gggtt	gtgat	tttttt	catt	aggat	gaaaa	gaacgtt	tcc				16089	
Arg	Lys	Tyr														
		2115														
tagccacacc	cacaaaggag	tttgtaaaat	aaaatctctg	tttagacctt	aaaatttggt	16149										
gtgtgtgttg	tgtgggggggt	ccgtgaggat	cgacctttac	aagatataat	ttgtccatat	16209										
cgca	atg	ttt	tct	cgg	ttt	gcg	cgt	tcc	ttt	tcc	agc	gat	gat	aga	16255	
	Met	Phe	Ser	Arg	Phe	Ala	Arg	Ser	Phe	Ser	Ser	Asp	Asp	Arg		
					2120					2125						
acg	cgt	aaa	tct	tat	gat	ggt	agt	tac	caa	agt	ttt	aat	gcc	ggc	16300	
Thr	Arg	Lys	Ser	Tyr	Asp	Gly	Ser	Tyr	Gln	Ser	Phe	Asn	Ala	Gly		
2130					2135					2140						
gaa	cgt	gat	ttg	ccc	aca	cct	acc	cgg	gac	tgg	tgt	tct	att	tcc	16345	
Glu	Arg	Asp	Leu	Pro	Thr	Pro	Thr	Arg	Asp	Trp	Cys	Ser	Ile	Ser		
2145					2150					2155						
caa	cgc	ata	acc	agc	gag	cgc	gtg	agg	gat	gga	tgt	ctt	att	cca	16390	
Gln	Arg	Ile	Thr	Ser	Glu	Arg	Val	Arg	Asp	Gly	Cys	Leu	Ile	Pro		
2160					2165					2170						
acg	ccc	ggc	gag	gct	ttg	gag	acg	gcg	gta	aag	gct	tta	tct	gaa	16435	
Thr	Pro	Gly	Glu	Ala	Leu	Glu	Thr	Ala	Val	Lys	Ala	Leu	Ser	Glu		
2175					2180					2185						
aag	acc	gac	agc	cta	aca	tcg	ccg	gtt	tta	caa	agt	acc	gaa	aga	16480	
Lys	Thr	Asp	Ser	Leu	Thr	Ser	Pro	Val	Leu	Gln	Ser	Thr	Glu	Arg		
2190					2195					2200						
cac	agt	gtt	ctg	ctt	gga	tta	cac	cat	aat	aat	gtt	cct	gaa	tcg	16525	
His	Ser	Val	Leu	Leu	Gly	Leu	His	His	Asn	Asn	Val	Pro	Glu	Ser		
2205					2210					2215						
ttg	gtg	gtc	tcg	tgt	atg	tct	aac	gat	gtt	cat	gac	ggg	ttt	atg	16570	
Leu	Val	Val	Ser	Cys	Met	Ser	Asn	Asp	Val	His	Asp	Gly	Phe	Met		
2220					2225					2230						

cag Gln 2235	cgt Arg	tat Tyr	atg Met	gaa Glu	aca Thr 2240	att Ile	caa Gln	aga Arg	tgt Cys	ttg Leu 2245	gat Asp	gac Asp	ctg Leu	aaa Lys	16615
ctt Leu 2250	tct Ser	ggg Gly	gat Asp	gga Gly	ctt Leu 2255	tgg Trp	tgg Trp	gtt Val	tat Tyr	gaa Glu 2260	aat Asn	aca Thr	tat Tyr	tgg Trp	16660
cag Gln 2265	tat Tyr	ctc Leu	aaa Lys	tac Tyr	acc Thr 2270	aca Thr	gga Gly	gcc Ala	gag Glu	gta Val 2275	ccg Pro	gtg Val	act Thr	tca Ser	16705
gag Glu 2280	aag Lys	gta Val	aat Asn	aaa Lys	aag Lys 2285	tct Ser	aaa Lys	tcc Ser	acg Thr	gtt Val 2290	ttg Leu	ttg Leu	ttt Phe	tca Ser	16750
tcc Ser 2295	gta Val	gtt Val	gcc Ala	aat Asn	aaa Lys 2300	cca Pro	ata Ile	tcc Ser	aga Arg	cat His 2305	cct Pro	ttt Phe	aaa Lys	tct Ser	16795
aaa Lys 2310	gtt Val	ata Ile	aat Asn	tcg Ser	gat Asp 2315	tac Tyr	cgg Arg	gga Gly	ata Ile	tgt Cys 2320	cag Gln	gag Glu	cta Leu	cgt Arg	16840
gag Glu 2325	gcg Ala	tta Leu	gga Gly	gct Ala	gtg Val 2330	caa Gln	aag Lys	tat Tyr	atg Met	tat Tyr 2335	ttt Phe	atg Met	cgt Arg	cca Pro	16885
gat Asp 2340	gat Asp	cct Pro	aca Thr	aac Asn	ccc Pro 2345	agc Ser	ccg Pro	gat Asp	aca Thr	aga Arg 2350	ata Ile	cgt Arg	gta Val	caa Gln	16930
gaa Glu 2355	att Ile	gcg Ala	gct Ala	tac Tyr	acg Thr 2360	gct Ala	act Thr	ggc Gly	tac Tyr	ggg Gly 2365	tgg Trp	atg Met	tta Leu	tgg Trp	16975
ttc Phe 2370	ttg Leu	gac Asp	gtt Val	gtg Val	gac Asp 2375	gcc Ala	agg Arg	gta Val	tgt Cys	cgc Arg 2380	cat His	ctc Leu	aaa Lys	ctt Leu	17020
caa Gln 2385	ttt Phe	cga Arg	cgg Arg	att Ile	cga Arg 2390	ggg Gly	ccg Pro	cgc Arg	gcg Ala	tct Ser 2395	gtt Val	att Ile	cca Pro	gat Asp	17065
gat Asp 2400	ttg Leu	ctt Leu	aga Arg	cga Arg	cat His 2405	tta Leu	aaa Lys	acg Thr	ggt Gly	cct Pro 2410	gcg Ala	gtc Val	tca Ser	gcg Ala	17110
ggc	aca	gga	gtt	gcg	ttt	att	tta	gca	gca	aca	act	gcc	agc	gct	17155

Gly 2415	Thr	Gly	Val	Ala	Phe 2420	Ile	Leu	Ala	Ala	Thr 2425	Thr	Ala	Ser	Ala	
ctt	act	gcg	ctt	ttg	cgt	att	agt	gta	tta	tgg	cga	aag	gaa	gag	17200
Leu 2430	Thr	Ala	Leu	Leu	Arg 2435	Ile	Ser	Val	Leu	Trp 2440	Arg	Lys	Glu	Glu	
tgg	cgg	gat	ggt	tta	aat	gga	acc	gca	gct	gca	att	gtt	gcg	gcg	17245
Trp 2445	Arg	Asp	Gly	Leu	Asn 2450	Gly	Thr	Ala	Ala	Ala 2455	Ile	Val	Ala	Ala	
gtt	gaa	ctt	att	acg	ctt	ttg	cac	cac	cat	ttt	caa	tac	tta	att	17290
Val 2460	Glu	Leu	Ile	Thr	Leu 2465	Leu	His	His	His	Phe 2470	Gln	Tyr	Leu	Ile	
aat	atg	atg	ctt	att	gga	tat	gca	tgt	tgg	ggg	gat	ggg	gga	tta	17335
Asn 2475	Met	Met	Leu	Ile	Gly 2480	Tyr	Ala	Cys	Trp	Gly 2485	Asp	Gly	Gly	Leu	
aac	gat	cct	tat	ata	tta	aag	gcg	cta	cgt	gcc	cag	gga	cgg	ttt	17380
Asn 2490	Asp	Pro	Tyr	Ile	Leu 2495	Lys	Ala	Leu	Arg	Ala 2500	Gln	Gly	Arg	Phe	
tta	tat	ttt	gcg	ggt	cag	ttg	gtc	aga	aca	atg	tca	aca	cac	agt	17425
Leu 2505	Tyr	Phe	Ala	Gly	Gln 2510	Leu	Val	Arg	Thr	Met 2515	Ser	Thr	His	Ser	
tgg	gtt	gtg	tta	gag	acc	agc	acc	cat	atg	tgg	ttt	tcc	cgg	gcc	17470
Trp 2520	Val	Val	Leu	Glu	Thr 2525	Ser	Thr	His	Met	Trp 2530	Phe	Ser	Arg	Ala	
gtg	gcg	cag	agt	att	tta	gca	cat	ggg	ggt	aaa	ccc	aca	aag	tat	17515
Val 2535	Ala	Gln	Ser	Ile	Leu 2540	Ala	His	Gly	Gly	Lys 2545	Pro	Thr	Lys	Tyr	
tat	gct	cag	gtt	ctt	gcc	gcc	agt	aaa	cgg	tat	act	ccg	tta	cat	17560
Tyr 2550	Ala	Gln	Val	Leu	Ala 2555	Ala	Ser	Lys	Arg	Tyr 2560	Thr	Pro	Leu	His	
tta	aga	cgt	ata	tcc	gaa	cca	tcg	agt	gtg	tct	gat	cag	ccg	tat	17605
Leu 2565	Arg	Arg	Ile	Ser	Glu 2570	Pro	Ser	Ser	Val	Ser 2575	Asp	Gln	Pro	Tyr	
att	cgt	ttt	aat	cga	ctg	gga	tct	cca	ata	ggg	aca	ggt	ata	ggg	17650
Ile 2580	Arg	Phe	Asn	Arg	Leu 2585	Gly	Ser	Pro	Ile	Gly 2590	Thr	Gly	Ile	Gly	
aat	ttg	gaa	tgt	gtc	tgt	tta	acg	gga	aat	tat	tta	tct	gac	gac	17695
Asn 2595	Leu	Glu	Cys	Val	Cys 2600	Leu	Thr	Gly	Asn	Tyr 2605	Leu	Ser	Asp	Asp	



gta aat gca agt tcg cat gta att aat aca gaa gca ccg tta aac 17740  
 Val Asn Ala Ser Ser His Val Ile Asn Thr Glu Ala Pro Leu Asn  
 2610 2615 2620

agt ata gca ccc gat aca aat aga cag cgg act tct cgc gtt tta 17785  
 Ser Ile Ala Pro Asp Thr Asn Arg Gln Arg Thr Ser Arg Val Leu  
 2625 2630 2635

gtt cgt cca gac acg ggt ttg gat gta act gtc cga aaa aac cac 17830  
 Val Arg Pro Asp Thr Gly Leu Asp Val Thr Val Arg Lys Asn His  
 2640 2645 2650

tgt ctg gac ata ggc cat acg gac ggt agt cca gtt gac cca acg 17875  
 Cys Leu Asp Ile Gly His Thr Asp Gly Ser Pro Val Asp Pro Thr  
 2655 2660 2665

tat cct gat cat tac acc cgg ata aag gcg gaa tat gaa ggt ccg 17920  
 Tyr Pro Asp His Tyr Thr Arg Ile Lys Ala Glu Tyr Glu Gly Pro  
 2670 2675 2680

gtt cgg gat gaa tca aac aca atg ttt gac caa aga tcg gat tta 17965  
 Val Arg Asp Glu Ser Asn Thr Met Phe Asp Gln Arg Ser Asp Leu  
 2685 2690 2695

cgt cac ata gaa acc caa gca tct tta aat gat cac gta tat gaa 18010  
 Arg His Ile Glu Thr Gln Ala Ser Leu Asn Asp His Val Tyr Glu  
 2700 2705 2710

aat ata cca ccc aag gaa gtg ggt ttt aac tca tct tca gac ctg 18055  
 Asn Ile Pro Pro Lys Glu Val Gly Phe Asn Ser Ser Ser Asp Leu  
 2715 2720 2725

gat gtg gat agc ctt aac ggg tac acc tcc gga gac atg cat aca 18100  
 Asp Val Asp Ser Leu Asn Gly Tyr Thr Ser Gly Asp Met His Thr  
 2730 2735 2740

gac gat gac tta tca cca gat ttt ata ccc aac gac gtt ccc gtt 18145  
 Asp Asp Asp Leu Ser Pro Asp Phe Ile Pro Asn Asp Val Pro Val  
 2745 2750 2755

aga tgt aaa acc acg gtt acg ttt agg aaa aat acg cct aag agt 18190  
 Arg Cys Lys Thr Thr Val Thr Phe Arg Lys Asn Thr Pro Lys Ser  
 2760 2765 2770

cat cat taa gtacagcggg taatagatag ttatggacta ggcactttgg 18239  
 His His  
 2775

cggtcatttc cacaaccagg ttaaaattgg gggatttggg agaaaatagt ctattgcgta 18299

ttttctgttc aataattgga ctgcgttatt taaaggtctg attggttgat tgggttataa 18359

aaggaattac tccttttaa at tttactttaat gtaccacaaa tatcaagtgg tcgtttgtat 18419

ttaacgatta ttaccggtac c atg gga gac ttg tca tgt tgg aca aag gtg 18470  
Met Gly Asp Leu Ser Cys Trp Thr Lys Val  
2780 2785

ccg ggt ttt acg tta acc ggc gaa ctt cag tac tta aaa caa gtg 18515  
Pro Gly Phe Thr Leu Thr Gly Glu Leu Gln Tyr Leu Lys Gln Val  
2790 2795 2800

gat gat att tta agg tat gga gtt cgg aaa cgc gat cga aca gga 18560  
Asp Asp Ile Leu Arg Tyr Gly Val Arg Lys Arg Asp Arg Thr Gly  
2805 2810 2815

atc gga acg tta tct tta ttt gga atg caa gct cga tac aat ttg 18605  
Ile Gly Thr Leu Ser Leu Phe Gly Met Gln Ala Arg Tyr Asn Leu  
2820 2825 2830

cga aat gaa ttt cct ctt tta act aca aag cgt gtt ttt tgg agg 18650  
Arg Asn Glu Phe Pro Leu Leu Thr Thr Lys Arg Val Phe Trp Arg  
2835 2840 2845

gcc gtc gtg gaa gag ttg tta tgg ttt atc cgc ggg tca acc gat 18695  
Ala Val Val Glu Glu Leu Leu Trp Phe Ile Arg Gly Ser Thr Asp  
2850 2855 2860

tcc aaa gaa ctc gcc gct aaa gat ata cac ata tgg gat ata tac 18740  
Ser Lys Glu Leu Ala Ala Lys Asp Ile His Ile Trp Asp Ile Tyr  
2865 2870 2875

gga tcg agc aaa ttt cta aat agg aat ggc ttc cat aaa aga cac 18785  
Gly Ser Ser Lys Phe Leu Asn Arg Asn Gly Phe His Lys Arg His  
2880 2885 2890

acg ggg gac ctt ggc ccc att tac ggc ttc cag tgg aga cat ttt 18830  
Thr Gly Asp Leu Gly Pro Ile Tyr Gly Phe Gln Trp Arg His Phe  
2895 2900 2905

gga gcg gaa tat aaa gac tgt caa tca aac tat tta cag caa gga 18875  
Gly Ala Glu Tyr Lys Asp Cys Gln Ser Asn Tyr Leu Gln Gln Gly  
2910 2915 2920

atc gat cag ctg caa act gtt ata gat aca att aaa aca aac cca 18920  
Ile Asp Gln Leu Gln Thr Val Ile Asp Thr Ile Lys Thr Asn Pro  
2925 2930 2935

gaa agc cga cga atg att ata tcg tct tgg aat cca aag gat atc 18965

Glu Ser Arg Arg Met Ile Ile Ser Ser Trp Asn Pro Lys Asp Ile	
2940 2945 2950	
ccc tta atg gta cta cct cca tgt cac acg tta tgt cag ttt tac	19010
Pro Leu Met Val Leu Pro Pro Cys His Thr Leu Cys Gln Phe Tyr	
2955 2960 2965	
gtt gca aac ggt gaa tta tcc tgc caa gta tac cag aga tcg ggg	19055
Val Ala Asn Gly Glu Leu Ser Cys Gln Val Tyr Gln Arg Ser Gly	
2970 2975 2980	
gat atg ggc ctt ggg gta ccg ttc aac att gct gga tat gca ctt	19100
Asp Met Gly Leu Gly Val Pro Phe Asn Ile Ala Gly Tyr Ala Leu	
2985 2990 2995	
ctt acc tac ata gta gcg cat gtt aca gga ctt aaa acc gga gat	19145
Leu Thr Tyr Ile Val Ala His Val Thr Gly Leu Lys Thr Gly Asp	
3000 3005 3010	
tta att cat aca atg ggg gat gca cat att tac ttg aat cat ata	19190
Leu Ile His Thr Met Gly Asp Ala His Ile Tyr Leu Asn His Ile	
3015 3020 3025	
gat gct tta aaa gtg cag cta gct cga tcc cca aaa cct ttt cct	19235
Asp Ala Leu Lys Val Gln Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Phe Pro	
3030 3035 3040	
tgc ctt aaa att att cga aat gta aca gat ata aac gac ttt aaa	19280
Cys Leu Lys Ile Ile Arg Asn Val Thr Asp Ile Asn Asp Phe Lys	
3045 3050 3055	
tgg gac gat ttt cag ctt gat gga tat aat cca cac ccc ccc cta	19325
Trp Asp Asp Phe Gln Leu Asp Gly Tyr Asn Pro His Pro Pro Leu	
3060 3065 3070	
aaa atg gaa atg gct ctt taa tggattttta aatgttgtca agacagtaga	19376
Lys Met Glu Met Ala Leu	
3075	
tgtgttgcca atgtaataaa atgatataca cagacgcgtt tggttggttt ctgtttatga	19436
acagcaacgg atgcataggg ttgcgataac tgcgataaga cccaatgtcc caaggataga	19496
tatcacacca attataactg ctacaacgga aaatgtagtg gcgtaggtag atgcatcgta	19556
ggtataaacg gccgaaaacg gaggggaattt tttagggttaa ccatctagat gacacgaata	19616
ggtgataggt ccgtcgagtt ccgatgttgg acaagaactt tgcattgttta caaacggttt	19676
gttttgatca cacaccccag taatctcact gttttcgtgg ttaatgggag aatcgttaac	19736

ccaccatacg aaatgtacaa cgccacgtgg cacacatttt gccgtacata ctatgtgtcc 19796  
atcaataata cctatagaca cgttgggaaa tggatagacg tcaggggtaa cgacagcaga 19856  
atatttcata ttagagacgc catcccgaat ccataaaaca ttacattgga tggctggggg 19916  
tgggtaatcc atttgttttt gctgtggaat tcgtaccgcc gaaacataac taaataatcc 19976  
attggcataat tcttgtattg catcggttat aaaatttttt ccgatgttac caaaccttga 20036  
agtccaccga acacgtaccg agtgcggtgg ataatacttt gatacgttac agtaggctgc 20096  
gtatgtctgt ccggttaaga ctggatcgcc gacaacggta atatttggac gataatacgt 20156  
tgtaactgta atactgtgtt ccgatatgac gttcttagtt tttgtattaa cgactcgcca 20216  
aatatacgtt ccctccgtgg tagcatccat agataaaatt gttacagaaa aatcagacgt 20276  
tgttttaaca tctggtatta cataattttc cttagcgtgt gtaaataatct cagggttggt 20336  
tattaagttt aaatcggcac tgttgctata taacataacc ggtaaactctg gcatgcgtat 20396  
taacgcattg ccagttgac ggtgcggatc tataaggtga cgcgtaaacc aaacttcaat 20456  
atgaagatcg gggcgataaa gcgacttcca ccttggtata tttgaacctt ccgatctaa 20516  
agaatatgtt tcatatgttt tttgttgctg cttaaaggcc gcctgttgctc cggtcgttag 20576  
acgcatgtaa caaggcatga taaatgtgtg aaaatagggt atggattgta ttccgccgtg 20636  
aacgcattgt atattttcat atagaaaagg tggttgtgaa tgttgggtgt tggctgcggg 20696  
atcgggcttt cgggaagcgg ccgaggtggg cgcgacggcg ggatcgggct ttcgggtagc 20756  
ggccgaggtg ggcgcgacgg cgggatcggg ctttcgggaa gcggccgagg tgggcgcgac 20816  
ggcgggatcg ggctttcggg tagcggccga ggtgggcgcg acggcgggat cgggctttcg 20876  
ggaagcggcc gaggtgggcg cgacggcggg atcgggcttt cgggaagcgg ccgaggtggg 20936  
cgcgacggcg ggatcgggct ttcgggaagc ggccgaggtg ggcgcgacgg cgggatcggg 20996  
ctttcgggta gcggccgagg tatataattc agttatactt acgggtgttg gttgagattc 21056  
agtcgataat tgtatacacg cgatcggtta aattaaattt atttgtatcc gcttcacct 21116  
ggtttttatt gacacatcca cgctcccctt aaataaaaga ttaaaacacc caccgcggaa 21176  
tttaaataat ggaaacgttt ttttcgacat tgggaataat aaaaacggct tttgcaactt 21236



taaaaacttt atttatctcg attacgatac atatgtacca catagatagc atagatttat 21296  
tataatataa acacacacgt gatatacttt agtgatatga gatgccataa aacagtcaat 21356  
aggtttaacg cttagtctca tcatctgaat acacgtcaaa cccgccgcaa ctgttgatgt 21416  
tagaattata atagctcccc atgaaatgcc ggcaaagtgt acagctatac ccgtcaccga 21476  
ggtcgttgta tataatacaa ttacccatag gttttttttt tcttgatata aaacggcaaa 21536  
accctgtaac ccaaagtcta taatatgacc tcctattgaa actgctaacg ttacttgtgt 21596  
aagtttgata aaatgattta atttaattat atgtgagatt gccacatta atggggtaac 21656  
tatatataac accgggggta taacagacat tatacgaatt cctttaaaca cgcgtttaag 21716  
ggtcgggaa ctttctcgat ggtcacatac tctcccgcggtcattttgtg tatatacaac 21776  
ggcaaaacct aaatctgtat aagtgtttaa ttgcttatgg cgatttttac gatataata 21836  
cgtatcttgc aaatcgggtg cgcatcgac aattgaaact agtgtgacaa tagatataca 21896  
caatccaata agaacctcat atttactgac atacatatat aaaataacgg ttagtaaacc 21956  
tccaaccca gttccaaca tcataacata aaaataaata tgcgggtccat tgaatgtcgt 22016  
aacaagttg tagtaatgga tatgcacagc agccactgtt ccggtaatcg cggatatgga 22076  
aattcccagt aattctacaa atggaagatc ccgggatatt gggcaaccaa ccgcccataa 22136  
cacagcaaaa cccaacacga ccaccgtctg caaacatcgt cccaattttg ctaatgtgcg 22196  
tagaaatttc acggatgttg gccataacct cgaaacgacg atcaaccca taatagttgc 22256  
attgacggca gcttcgcaga cgtgatattg taaaattaac ccggacgtga taacgcttgc 22316  
ttgtagtccc acgagaaaca accgcgatgc tgaggttatt gcacacgaat tacattcttg 22376  
agggtttccg acacatcctt ggattgattg agcgcggatt aattctctgt ctaacacacc 22436  
caggttttca tcatggacag ctctttcacc attcacggcc atgtcttaag ttttaataatt 22496  
caaaacaaat aaaaatgtgt tcatctatgg tacacacaag tttgtatgta aaatataagc 22556  
aaaagttgca cttatttaac tgtacatatt acgtcagatt cacgtgataa ttcagaataa 22616  
tccagggttc ctgcagggtc cactggagga gccacacaat attcgcgaat tccgattccc 22676  
tcctgccatg tggtttcggg gagtttcccc ccatTTTTat ttccggtatt tttttcgttt 22736

ctttttgtta ataaattgcg tctttttttt aatggtgggt catccttcac agattccatg 22796  
ttcgcaaata attgcatcga ggtaattttt tctttaaggt ctttgggact taagaacgtt 22856  
gcataaaaaa aagaatgcac ggggtgcggaa cgttggatat acaatccaac catggggggag 22916  
ttagttaagg cgagataaaa attaatataa cacgtctcat cccgtgttaa cttaagattt 22976  
tgtacggcag aacggaatcc actgtgtgtt tccaataata ctccaaattc acgcatactc 23036  
ccgctgccat aaacaacatt attaaggatc ctttttgaat ttgtgattga gcgtattaaa 23096  
ttatatgggtg taggcttgct tccgtttata tccaaggaaa cattaaatga gataaaacca 23156  
cccccggcgg tctggatgta catatccgtg gctgttagaa tgaagcatgt tgtaaacca 23216  
aaagttttta gtagtcgctg taaacgggtg aattgatcgc gttttaagca aatgcttata 23276  
tctggagtta gatttggaaa catcattgta taacaagcga gttcacgttt tacaacttgt 23336  
ttgtaacatt gtacttgatc atctggacca caatcacccg ggcgttgcca taccatcggt 23396  
tgataatac tccgctcggg gggttgtccg gtaaatttaa aatataaccg tgttggggtc 23456  
gacggatctt ttgtatggcg aaacgcgtca ataagcgagg accgtccctc cgttgccgcg 23516  
agtacaacca ttctcggccc agtccaatta tactgggtcaa acatatattgc cggtatagga 23576  
atatacagtt gttctgtttc caaactacag tgaataatta atccttcgtc gctgaatatt 23636  
aaaatagaat cccttagtct attaaccaga ggtgatatag acgaaattaa accagtaagc 23696  
gttttttccg ttaaaacagc tctggcgatt tctggggcgt caaaaccgc atgcaattcc 23756  
atgtccaaag catcgtctgt acgcgacctc aaatccataa tttactactt aaaatgttta 23816  
ctatagaaaa agtaatcata tgtaaacaca cgagtttcgt taatatgttt gtttaaccgc 23876  
atccggtgac ttaagtacat aaacaggcat gatatttgaa tagtacggcc catgggaggg 23936  
aacatttcca cgtgttccaa tacaggggggt gttccttaat agggactgtg caataaaata 23996  
cgtaagaagt taccagattt gatgtaatgt ttgtcataaa aaatatgtac atcattatat 24056  
acgtctgtaa ttaacacaag atcacatcga agaattactg aagccgctgt gaaacctttc 24116  
acaagacgat ataaacttgg ttaagtgtat tg atg ggg ctc ttt gga ctg aca 24169  
Met Gly Leu Phe Gly Leu Thr  
3080

cgc ttt atc cat gaa cat aaa ctg gtt aaa ccc agc atc att tca 24214  
 Arg Phe Ile His Glu His Lys Leu Val Lys Pro Ser Ile Ile Ser  
 3085 3090 3095

acg cca ccc gga gtt tta acc ccc gtg gcg gta gac gta tgg aac 24259  
 Thr Pro Pro Gly Val Leu Thr Pro Val Ala Val Asp Val Trp Asn  
 3100 3105 3110

gtc atg tac aca ttg ttg gaa cgt tta tac cct gtg ggt aaa cgc 24304  
 Val Met Tyr Thr Leu Leu Glu Arg Leu Tyr Pro Val Gly Lys Arg  
 3115 3120 3125

gag aat tta cac gga cca tct gta acg ata cat tgt ctt gga gtc 24349  
 Glu Asn Leu His Gly Pro Ser Val Thr Ile His Cys Leu Gly Val  
 3130 3135 3140

tta ttg cgg cta tta aca caa cgg tca tac tat ccg ata ttt gta 24394  
 Leu Leu Arg Leu Leu Thr Gln Arg Ser Tyr Tyr Pro Ile Phe Val  
 3145 3150 3155

ttg gaa cgt tgt aca gac ggc cca tta tca cgt gga gcc aag gca 24439  
 Leu Glu Arg Cys Thr Asp Gly Pro Leu Ser Arg Gly Ala Lys Ala  
 3160 3165 3170

att atg tca cgg gcc atg aac cac gat gaa agg gga acc tcg gac 24484  
 Ile Met Ser Arg Ala Met Asn His Asp Glu Arg Gly Thr Ser Asp  
 3175 3180 3185

tta acc cgt gtt cta cta tca tcc aac aca tca tgt tct atc aag 24529  
 Leu Thr Arg Val Leu Leu Ser Ser Asn Thr Ser Cys Ser Ile Lys  
 3190 3195 3200

tat aac aaa aca tcg gaa aca tat gac agt gtg ttt cga aac tct 24574  
 Tyr Asn Lys Thr Ser Glu Thr Tyr Asp Ser Val Phe Arg Asn Ser  
 3205 3210 3215

tcc acg agt tgt att cct agc gaa gaa aac aaa tcc cag gat atg 24619  
 Ser Thr Ser Cys Ile Pro Ser Glu Glu Asn Lys Ser Gln Asp Met  
 3220 3225 3230

ttt ttg gac ggt tgt cca cga caa act gac aag acg atc tgc ctg 24664  
 Phe Leu Asp Gly Cys Pro Arg Gln Thr Asp Lys Thr Ile Cys Leu  
 3235 3240 3245

cgc gac caa aac gta tgc agt ctt acc tct aca atg cca tcc cga 24709  
 Arg Asp Gln Asn Val Cys Ser Leu Thr Ser Thr Met Pro Ser Arg  
 3250 3255 3260

gga cat cct aac cat cga tta tat cac aaa ttg tgt gca agt ctt 24754

Gly 3265	His	Pro	Asn	His	Arg 3270	Leu	Tyr	His	Lys	Leu 3275	Cys	Ala	Ser	Leu	
att Ile 3280	aga Arg	tgg Trp	atg Met	ggg Gly	tat Tyr 3285	gca Ala	tac Tyr	gtc Val	gag Glu	gcg Ala 3290	gtt Val	gac Asp	att Ile	gag Glu	24799
gcg Ala 3295	gac Asp	gag Glu	gca Ala	tgt Cys	gca Ala 3300	aac Asn	tta Leu	ttt Phe	cat His	acg Thr 3305	cgt Arg	aca Thr	gtg Val	gct Ala	24844
ttg Leu 3310	gtt Val	tat Tyr	acg Thr	aca Thr	gat Asp 3315	act Thr	gat Asp	tta Leu	ctc Leu	ttc Phe 3320	atg Met	ggc Gly	tgt Cys	gat Asp	24889
att Ile 3325	ttg Leu	tta Leu	gat Asp	gca Ala	att Ile 3330	cct Pro	atg Met	ttt Phe	gct Ala	cca Pro 3335	gta Val	gta Val	cga Arg	tgt Cys	24934
cgc Arg 3340	gat Asp	ttg Leu	ctt Leu	caa Gln	tat Tyr 3345	tta Leu	gga Gly	att Ile	aca Thr	tac Tyr 3350	cct Pro	gaa Glu	ttt Phe	ttg Leu	24979
gtt Val 3355	gcc Ala	ttt Phe	gtt Val	cgc Arg	tgt Cys 3360	cag Gln	acc Thr	gat Asp	ttg Leu	cat His 3365	aca Thr	agt Ser	gac Asp	aac Asn	25024
cta Leu 3370	aaa Lys	tct Ser	gtt Val	cag Gln	caa Gln 3375	gtt Val	att Ile	cag Gln	gat Asp	acc Thr 3380	ggc Gly	ctg Leu	aaa Lys	gtt Val	25069
cca Pro 3385	cat His	caa Gln	atg Met	gac Asp	act Thr 3390	tca Ser	acg Thr	cgc Arg	tcc Ser	ccc Pro 3395	act Thr	tac Tyr	gac Asp	tcg Ser	25114
tgg Trp 3400	aga Arg	cat His	ggc Gly	gag Glu	gtt Val 3405	ttc Phe	aaa Lys	agt Ser	ctt Leu	acc Thr 3410	gta Val	gcc Ala	acg Thr	tcg Ser	25159
ggt Gly 3415	aaa Lys	aca Thr	gaa Glu	aac Asn	gga Gly 3420	gtg Val	tcc Ser	gtt Val	tcc Ser	aaa Lys 3425	tat Tyr	gca Ala	tct Ser	aac Asn	25204
cga Arg 3430	tcg Ser	gag Glu	gtg Val	aca Thr	gta Val 3435	gac Asp	gcc Ala	agt Ser	tgg Trp	gct Ala 3440	tta Leu	aac Asn	ctt Leu	ctg Leu	25249
cca Pro 3445	ccc Pro	tca Ser	tcc Ser	tcc Ser	cca Pro 3450	ttg Leu	gat Asp	aat Asn	ttg Leu	gaa Glu 3455	cgc Arg	gca Ala	ttt Phe	gtt Val	25294



gaa cat ata atc gcc gtg gta act cca ttg acc cgc ggt cgc cta 25339  
Glu His Ile Ile Ala Val Val Thr Pro Leu Thr Arg Gly Arg Leu  
3460 3465 3470

aag tta atg aaa cgt gta aat att atg caa aat acg gca gac cca 25384  
Lys Leu Met Lys Arg Val Asn Ile Met Gln Asn Thr Ala Asp Pro  
3475 3480 3485

tat atg gtt att aac acc tta tat cat aac tta aag ggg gaa aaa 25429  
Tyr Met Val Ile Asn Thr Leu Tyr His Asn Leu Lys Gly Glu Lys  
3490 3495 3500

atg gct cgc caa tac gca cgt att ttt aaa cag ttt att cct act 25474  
Met Ala Arg Gln Tyr Ala Arg Ile Phe Lys Gln Phe Ile Pro Thr  
3505 3510 3515

cca ctc cca cta aac act gta tta aca aaa tat tgg aat taa 25516  
Pro Leu Pro Leu Asn Thr Val Leu Thr Lys Tyr Trp Asn  
3520 3525 3530

aacacacata agagcgactt aatggttcat tgtttttat ttt tgctcgtata tacatgttat 25576

aaatcgttta tcaactgtgcc cgcataagat gtactgtgtc tctcaaaaaa atttgtgttt 25636

ttatctgcaa tcataaatgc aagtggaaag tccgaatcgg gaggtgggggt gttaaatagt 25696

tttggtacat taatcgctga taaaagcctg tccgcgctga atttcacgta ttgtgtaatt 25756

gcatcgacgt tcaccaaacg ggTTTTGGGT gcatgggatt ttaaaaacgc acactcgatt 25816

tcaacggctt ccgaaaacag ttgatgtatt ctgggtgatag cgggtttttc gggtagatag 25876

ttattgtata tacaacacga tgcgctggta tgtatggctt catctcggct tataaggtcg 25936

ttaaattgac aagttacaac aaatagtcg ttattgctga aatatgcaat agccgcgaac 25996

gatgatacaa aaaaaatgcc ctctataaga atcattagta tataatTTTT tgcaacggat 26056

gggttgtccc gtaccttttc ttccaacat tgtacttttt gttggatcga cggattatta 26116

atagtgacat ttacgtattg taccgcgaac gattcatccc ctctgaacaa cattagttga 26176

atttgactat agacacgcgc gtggacaacc tcgatgcact cttgttcaat gtagtaatgg 26236

tgaatatcct ttTGGGAAAA gagttgggtt agagagccca aattaacatt taccagatca 26296

tctgccgccg ataaaaatgt aaaaataaat ctgtagaata ttagttcatc ttccgttaaa 26356

cagtccaagt attgataatc atcttcaatg ataaaatcgc tttctaacca acgattcgaa 26416

atgctcaggg cacgtaaatt gtttatatct ggacactccg gcctgtaaaa aaaatgactg 26476  
caatctttct gatccatttt ggaatagttt cccgtgtaaa tttataaagc acaactggta 26536  
caggttaatt cgcctcccg cgcctcccg ctgttcgtag ctttacgaat tttacagtag 26596  
tacatacccg ttttaaggcc ggctttatag gcacgtataa gcaaattcat tattttggag 26656  
gcgggaattg tcccgtctgg gcgttcctca ataaataaag tcattgattg actttgggtca 26716  
ataaatggcg ccctttctgc acacatatca acgagatcct cttgctcata ttcaaacgct 26776  
gttttatatt ttaagagtgg gtgactatta gataaacagc caaacgaacg tattactgac 26836  
cattgggtttt tctcaagtat gtttataact tccagtcggt tttcttcaca tgaatacata 26896  
tctcttagtt cgtccataag gtctaagttg ggtctaagta actcaccga ggtgggtgacc 26956  
ttactaaaca tattattata aattggagag aaaccctcac tgcactccgt tacctgtgca 27016  
gatgaaactg tgggcattaa cgctaagaac tgcgagttgt ataaccata agcgcaaata 27076  
tcatctcgca gggtagacca tggtaaactt aaataactta tcgtagaaaa cccatcttgg 27136  
tgtaaccatc ccttagcata tttactttcg gtaaaaccct taaacggggc taagccgcca 27196  
atcttacaca tttccatgct tgttttcatt gtctcataca acattaactc cgctatttgt 27256  
acatttaacc gtctagctgg ttgggaagtt aaatcaaact ctaagcggag acaagttgta 27316  
tgtaaccctt gtatgccaat gccaaagtgt cgggtgtttt ttacaccttt acatgatattt 27376  
ttacatggaa agttcccagc cgccaggacc ccgtttaaaa aaataacagt cgttcttgct 27436  
gtcaattgaa ggtcgtttta attaaatgac actgggcctt tggataagca cgttgtaaga 27496  
tttatgctgg caagattaca tacgccatgt tgatgagcgt ctgccttttg aacaatttcc 27556  
gtacacaaat ttgaccccgat gatagcattt ccttgggtat tcatatgata attacgatta 27616  
caggcatctt tgaacattaa aaaggggctt cctgttacag cagcactgcg tatgattgtg 27676  
aatgcgatat cttgaatggg aacagaagaa acgcctaact cttctctctc taaacgtaaa 27736  
taggttgaag tgaatgcctc cccgtgtaat gttcgaagga tatcggctct gttatcaaaa 27796  
agagtccact gaacattact agcccctttt agatagctta ggtatctttc aaaaaataaa 27856  
tctgggggtcc ataaacaaca aaatatgtta tcacatcgaa atatttcac acgaaccaac 27916

attccacgtg tggccaaaac agtttgtaga tcgacgtgcc atggttctat gtaaacacaa 27976  
actccagttg gtcgttcaca atcactgtta attgccataa ccatgcaatc taaaagtttt 28036  
aaaactgcaa gaagaccttt cgtttgattt tccgtaggta tttaaattcag actctgtaga 28096  
gaaattccca ctccacctcg actttgtaat accgttccca catcgccctgt gatagctcga 28156  
acagctctcc caacagtgat ggattccggg tccattaaat aacaactggc cgttgccccg 28216  
gtctctcgac ctaaaaacat cataaccggt gtagccggga caattttctg acatgccaac 28276  
gctgtgaaaa atacccgaca gacatcagtc catgtataac catcatttat tccgggaata 28336  
agagttgcga ttttaggcag gtttacgatt tctgttgtca cggtggccgc cagtcttaaa 28396  
aagaattggc aaagcgactc taatttacct tcctctaact tagttaaata aaagtcttcg 28456  
tactttaag cagactgtag tccaagggtg gctaaagcgg ggtattgatc tttcaaaaac 28516  
ggttctaata tagcccgacg aatttcgtcc ctccgccctt caattgcttg gcggactcgg 28576  
ggagttaaac agagaattgg ggaagtcaac cacgtttcca tggaaacgga tcgtaggtta 28636  
atacggcaat ggataagttc tccacaacat cggtacactc gtcacatctg tcgcgtcacc 28696  
gccttaagtt ttgagacgat agtgctaata tactccatta attccaccgg tgtggttgat 28756  
tcgggcggaa tgatgtattc ctgttagcca tgttgacata atcggtttat aatgtcatga 28816  
accgtattaa aaattctttt gaactccata acggataacg tatttaggct ccggaataaa 28876  
cctttaaacc ctaaactcac agctgagtta gttctacaat attgtagact cccttatata 28936  
tggttacgta cagcctgccc ctccccagta tataatatca cgcaaaaccc acgctatggt 28996  
aaattcagtt tattttacat acatgcttta ataataacat tcgttccatg tatttgtacc 29056  
ccccacaca acccctcta accaaatagt tggcacgtta taacctccga accgttccat 29116  
gcgtcttgta taacgcacag actctgatgg aattgttcca attaacgtat atgccgcata 29176  
catgcaggat aattgtgtgg gaagtccccg aaaatcgccg gtccattgat acaatcgctg 29236  
tctagccaag ttccaattta ctctgtaat ttcgccaata ctacatcgag ggcttgtcgg 29296  
gtcattggat aactgcacaa gcggcaacgc ccttgtgtta tatggctggg gggatattgc 29356  
aacccttca gtccccagc cggcattttc agctcgtatg cgtcctaaca ggaagccaat 29416

accacgacca aaacattgtt cgttttagttg gcttaatgca agatgcagtc ttacaccttc 29476  
tcgttggcgt cgctgtgtat atacaaaaac caagaacaca tgcttcagtc cgtccgcgga 29536  
aagatgtaaa tctttgtcaa cgtcccaaaa tacgcaggcc gggatgttgg ctgtgaccct 29596  
gcgagttgaa gttttgtctg tacgtgcagc ttcttgggga cttttggcca cggcggttat 29656  
attgcataaa ttatcctgaa tggtatattc cagcaggac ccaaaaaaac ttataaatcg 29716  
atgtggaaat acatgacatt gtaccatcgc acgtaaacac tccgaaaacc ttatgagccg 29776  
cgtttccata cgactgcac cataggcaga aacaattgct gttctgttgg catccgctgc 29836  
ctgtttatcc gtatatctt ctgcccggca tgcggcgatg aaacttaatg acgttacata 29896  
tgctctaagc cccccacctt ctccaacggt ccaaggagcc gtgcaggcat tgaatagggt 29956  
tcgtaaacc tctagtagta catcggggtc acgtccagcc tgtgtaagtg tattagcttc 30016  
tccaatcatg tcagatggat gacgaaggat taagacgatt gaccagcat gctcaatgtc 30076  
cggacgaaaa aaatcgggta atgacacttg ttggattagc tgtgtcgttg atttaaaatt 30136  
atttaacggg agtctaattg taacttgcgg gttaccaatt gaagttggat ttatttgaat 30196  
gttgttcata cgattaataa caattgaacg gggggttact tgaatagacg cggtttctgt 30256  
acgttttggg ggtacatgta tcggttgttt gttcagacct ccaaagcgag ggccaattgt 30316  
taaatcgca ctccaatttc cgaagaagcc cggagcataa gtcatatgaa gcccgttccc 30376  
tatttgaata aaacgggtat ttcttaaaag actgatatta gttccacata gcgtttgttc 30436  
gtttaaagta aaatgcgagt tggttggttg actccccata gctgaggggt taaattcaca 30496  
caatgcaatc gtgacgtggg actatctgaa atgttgcctg gggatatgtg acacattata 30556  
cagtcgtagt accgtttata taatgttagg taggaggagc ctataaaaat attttgattg 30616  
gcgttaaaag gttcttcaac ttaccgtgac gtccttttta ttaacatgcg tttttattga 30676  
tgttacattt atgtcttttc attccggacg gatgtagctt ttcatatca cgttataaag 30736  
ttaagtcagc gtagaatata cc atg gaa gaa cca att tgt tat gat aca 30785  
Met Glu Glu Pro Ile Cys Tyr Asp Thr  
3535 3540  
caa aaa ctt ttg gat gat tta agt aac ttg aaa gta caa gaa gcg 30830



Gln	Lys	Leu	Leu	Asp	Asp	Leu	Ser	Asn	Leu	Lys	Val	Gln	Glu	Ala		
			3545					3550					3555			
gac	aac	gaa	aga	cca	tgg	tca	cca	gag	aaa	aca	gaa	atc	gcc	aga	30875	
Asp	Asn	Glu	Arg	Pro	Trp	Ser	Pro	Glu	Lys	Thr	Glu	Ile	Ala	Arg		
			3560					3565					3570			
gtt	aag	gta	gtt	aag	ttt	tta	cga	tct	acc	cag	aaa	att	cca	gct	30920	
Val	Lys	Val	Val	Lys	Phe	Leu	Arg	Ser	Thr	Gln	Lys	Ile	Pro	Ala		
			3575					3580					3585			
aaa	cat	ttt	att	cag	ata	tgg	gaa	ccc	ctg	cat	tct	aat	atc	tgt	30965	
Lys	His	Phe	Ile	Gln	Ile	Trp	Glu	Pro	Leu	His	Ser	Asn	Ile	Cys		
			3590					3595					3600			
ttt	gta	tat	tcc	aat	aca	ttt	ttg	gcg	gag	gct	gct	ttc	acg	gcc	31010	
Phe	Val	Tyr	Ser	Asn	Thr	Phe	Leu	Ala	Glu	Ala	Ala	Phe	Thr	Ala		
			3605					3610					3615			
gaa	aat	tta	ccc	gga	ctg	ttg	ttt	tgg	aga	cta	gat	cta	gac	tgg	31055	
Glu	Asn	Leu	Pro	Gly	Leu	Leu	Phe	Trp	Arg	Leu	Asp	Leu	Asp	Trp		
			3620					3625					3630			
acg	ata	gag	gag	cca	ggt	aat	agc	tta	aaa	att	tta	acc	cag	cta	31100	
Thr	Ile	Glu	Glu	Pro	Gly	Asn	Ser	Leu	Lys	Ile	Leu	Thr	Gln	Leu		
			3635					3640					3645			
tca	agt	gta	gta	caa	gat	tcc	gag	acg	tta	cat	cgt	tta	tcg	gcc	31145	
Ser	Ser	Val	Val	Gln	Asp	Ser	Glu	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Ser	Ala		
			3650					3655					3660			
aat	aaa	tta	cga	acc	tcg	tct	aaa	ttt	gga	ccc	gtt	tcg	ata	cac	31190	
Asn	Lys	Leu	Arg	Thr	Ser	Ser	Lys	Phe	Gly	Pro	Val	Ser	Ile	His		
			3665					3670					3675			
ttc	att	ata	acg	gac	tgg	ata	aat	atg	tac	gag	gtc	gcc	tta	aag	31235	
Phe	Ile	Ile	Thr	Asp	Trp	Ile	Asn	Met	Tyr	Glu	Val	Ala	Leu	Lys		
			3680					3685					3690			
gat	gca	aca	aca	gcc	att	gaa	tca	cca	ttc	act	cac	gct	cgt	att	31280	
Asp	Ala	Thr	Thr	Ala	Ile	Glu	Ser	Pro	Phe	Thr	His	Ala	Arg	Ile		
			3695					3700					3705			
gga	atg	ttg	gaa	agc	gcc	att	gca	gct	tta	aca	caa	cat	aaa	ttt	31325	
Gly	Met	Leu	Glu	Ser	Ala	Ile	Ala	Ala	Leu	Thr	Gln	His	Lys	Phe		
			3710					3715					3720			
gcg	atc	att	tac	gat	atg	cca	ttt	gtt	caa	gag	ggg	att	cgt	gtt	31370	
Ala	Ile	Ile	Tyr	Asp	Met	Pro	Phe	Val	Gln	Glu	Gly	Ile	Arg	Val		
			3725					3730					3735			

tta	aca	caa	tat	gca	gga	tgg	ctt	ctt	ccg	ttt	aat	gtt	atg	tgg	31415
Leu	Thr	Gln	Tyr	Ala	Gly	Trp	Leu	Leu	Pro	Phe	Asn	Val	Met	Trp	
			3740					3745					3750		
aat	cag	att	caa	aat	agc	tca	ctc	act	cct	cta	aca	cga	gcc	ctt	31460
Asn	Gln	Ile	Gln	Asn	Ser	Ser	Leu	Thr	Pro	Leu	Thr	Arg	Ala	Leu	
			3755					3760					3765		
ttt	ata	atc	tgt	atg	att	gat	gaa	tat	ctc	acg	gaa	acg	cca	gta	31505
Phe	Ile	Ile	Cys	Met	Ile	Asp	Glu	Tyr	Leu	Thr	Glu	Thr	Pro	Val	
			3770					3775					3780		
cat	agc	ata	tca	gaa	tta	ttt	gca	gat	act	gta	aat	tta	att	aaa	31550
His	Ser	Ile	Ser	Glu	Leu	Phe	Ala	Asp	Thr	Val	Asn	Leu	Ile	Lys	
			3785					3790					3795		
gat	gag	gcg	ttc	gta	tcc	atc	gaa	gaa	gcg	gta	acg	aat	cca	cga	31595
Asp	Glu	Ala	Phe	Val	Ser	Ile	Glu	Glu	Ala	Val	Thr	Asn	Pro	Arg	
			3800					3805					3810		
acg	gtg	cac	gag	tca	cga	att	tcc	tca	gct	ctg	gct	tat	cga	gac	31640
Thr	Val	His	Glu	Ser	Arg	Ile	Ser	Ser	Ala	Leu	Ala	Tyr	Arg	Asp	
			3815					3820					3825		
cct	tat	gtt	ttt	gag	aca	tcc	ccg	gga	atg	ctt	gct	agg	aga	ctt	31685
Pro	Tyr	Val	Phe	Glu	Thr	Ser	Pro	Gly	Met	Leu	Ala	Arg	Arg	Leu	
			3830					3835					3840		
aga	tta	gac	aat	ggt	ata	tgg	gaa	agc	aac	ctc	tta	tcg	ttg	tcc	31730
Arg	Leu	Asp	Asn	Gly	Ile	Trp	Glu	Ser	Asn	Leu	Leu	Ser	Leu	Ser	
			3845					3850					3855		
acc	ccc	gga	att	cat	att	gag	gcg	ctg	tta	cat	tta	cta	aac	tcc	31775
Thr	Pro	Gly	Ile	His	Ile	Glu	Ala	Leu	Leu	His	Leu	Leu	Asn	Ser	
			3860					3865					3870		
gac	ccg	gaa	gcg	gaa	acc	aca	tct	gga	agt	aat	gta	gca	gaa	cac	31820
Asp	Pro	Glu	Ala	Glu	Thr	Thr	Ser	Gly	Ser	Asn	Val	Ala	Glu	His	
			3875					3880					3885		
acc	cgt	ggc	att	tgg	gaa	aag	gtt	cag	gct	agt	aca	tcg	cct	agt	31865
Thr	Arg	Gly	Ile	Trp	Glu	Lys	Val	Gln	Ala	Ser	Thr	Ser	Pro	Ser	
			3890					3895					3900		
atg	tta	ata	agc	acc	ctt	gcc	gaa	tcc	ggg	ttt	aca	aga	ttt	tca	31910
Met	Leu	Ile	Ser	Thr	Leu	Ala	Glu	Ser	Gly	Phe	Thr	Arg	Phe	Ser	
			3905					3910					3915		
tgc	aaa	ttg	cta	cgt	cgg	ttt	att	gct	cac	cac	aca	ctc	gcc	ggt	31955

Cys Lys Leu Leu	Arg Arg Phe Ile	Ala	His His Thr Leu	Ala Gly	
3920		3925		3930	
ttt att cac gga	agc gtt gta gca	gac	gag cat att aca	gat ttc	32000
Phe Ile His Gly	Ser Val Val Ala	Asp	Glu His Ile Thr	Asp Phe	
3935		3940		3945	
caa caa aca cta	gga tgt ctc gct	tta	gtg ggt gga ctg	gca tac	32045
Gln Gln Thr Leu	Gly Cys Leu Ala	Leu	Val Gly Gly Leu	Ala Tyr	
3950		3955		3960	
caa tta gtg gaa	acg tac gct cct	act	acc gag tat gtg	tta aca	32090
Gln Leu Val Glu	Thr Tyr Ala Pro	Thr	Thr Glu Tyr Val	Leu Thr	
3965		3970		3975	
tat aca cgg aca	gta aac gag acc	gaa	aaa cgg tat gaa	acg cta	32135
Tyr Thr Arg Thr	Val Asn Glu Thr	Glu	Lys Arg Tyr Glu	Thr Leu	
3980		3985		3990	
tta ccc gcc tta	gga tta cca ccg	gga	ggc ctg gga caa	att atg	32180
Leu Pro Ala Leu	Gly Leu Pro Pro	Gly	Gly Leu Gly Gln	Ile Met	
3995		4000		4005	
cgg cgc tgt ttt	gct cca cga ccc	ctt	att gaa agt ata	caa gcg	32225
Arg Arg Cys Phe	Ala Pro Arg Pro	Leu	Ile Glu Ser Ile	Gln Ala	
4010		4015		4020	
aca cgc gta ata	cta ctt aat gaa	att	tca cat gca gaa	gct aga	32270
Thr Arg Val Ile	Leu Leu Asn Glu	Ile	Ser His Ala Glu	Ala Arg	
4025		4030		4035	
gag aca aca tat	ttt aag caa aca	cat	aat caa tcc tca	ggt gcg	32315
Glu Thr Thr Tyr	Phe Lys Gln Thr	His	Asn Gln Ser Ser	Gly Ala	
4040		4045		4050	
tta tta cca caa	gca gga caa agt	gcc	gta cgc gaa gcc	gta cta	32360
Leu Leu Pro Gln	Ala Gly Gln Ser	Ala	Val Arg Glu Ala	Val Leu	
4055		4060		4065	
acc tgg ttt gac	cta cgt atg gat	tca	aga tgg ggt att	act ccc	32405
Thr Trp Phe Asp	Leu Arg Met Asp	Ser	Arg Trp Gly Ile	Thr Pro	
4070		4075		4080	
ccg gtg gat gtg	ggt atg aca cct	cct	att tgt gtt gat	cca ccg	32450
Pro Val Asp Val	Gly Met Thr Pro	Pro	Ile Cys Val Asp	Pro Pro	
4085		4090		4095	
gct aca ggg ttg	gaa gct gtc atg	ata	aca gaa gca cta	aag att	32495
Ala Thr Gly Leu	Glu Ala Val Met	Ile	Thr Glu Ala Leu	Lys Ile	
4100		4105		4110	

gca tat cct acc gaa tat aat cgc tct agc gtg ttt gtg gaa ccg	32540
Ala Tyr Pro Thr Glu Tyr Asn Arg Ser Ser Val Phe Val Glu Pro	
4115 4120 4125	
tcg ttt gtg cct tat att att gca aca agc acg ctt gat gcc ctt	32585
Ser Phe Val Pro Tyr Ile Ile Ala Thr Ser Thr Leu Asp Ala Leu	
4130 4135 4140	
tcg gca aca ata gct ttg tct ttt gat aca cgg gga ata cag caa	32630
Ser Ala Thr Ile Ala Leu Ser Phe Asp Thr Arg Gly Ile Gln Gln	
4145 4150 4155	
gcc ttg tct att ctt cag tgg gct cgc gat tat gga tcc gga acc	32675
Ala Leu Ser Ile Leu Gln Trp Ala Arg Asp Tyr Gly Ser Gly Thr	
4160 4165 4170	
gtg ccc aat gca gat gga tat cgc aca aaa cta tct gct ctt ata	32720
Val Pro Asn Ala Asp Gly Tyr Arg Thr Lys Leu Ser Ala Leu Ile	
4175 4180 4185	
aca ata tta gaa cct ttt acc cgt aca cac ccc cca gta ctt tta	32765
Thr Ile Leu Glu Pro Phe Thr Arg Thr His Pro Pro Val Leu Leu	
4190 4195 4200	
cca tct cac gtt tct act ata gat tcc ctt ata tgc gaa ctt cat	32810
Pro Ser His Val Ser Thr Ile Asp Ser Leu Ile Cys Glu Leu His	
4205 4210 4215	
cgg act gtt ggc att gcc gtt gac ctg ctt ccc cag cac gtc cgt	32855
Arg Thr Val Gly Ile Ala Val Asp Leu Leu Pro Gln His Val Arg	
4220 4225 4230	
cct ttg gtt cct gac cgt cct tct att aca aat agc gtt ttt tta	32900
Pro Leu Val Pro Asp Arg Pro Ser Ile Thr Asn Ser Val Phe Leu	
4235 4240 4245	
gca act ctc tat tat gat gaa ctt tac ggt cgt tgg acc cga ctg	32945
Ala Thr Leu Tyr Tyr Asp Glu Leu Tyr Gly Arg Trp Thr Arg Leu	
4250 4255 4260	
gat aaa aca tcg cag gcg ttg gtt gaa aat ttt aca tcc aac gcg	32990
Asp Lys Thr Ser Gln Ala Leu Val Glu Asn Phe Thr Ser Asn Ala	
4265 4270 4275	
tta gtg gtt tct cgg tac atg tta atg tta caa aaa ttt ttt gcg	33035
Leu Val Val Ser Arg Tyr Met Leu Met Leu Gln Lys Phe Phe Ala	
4280 4285 4290	
tgt cgt ttt tat cca acg cca gat ctt cag gct gtt ggt atc tgt	33080



Cys	Arg	Phe	Tyr	Pro	Thr	Pro	Asp	Leu	Gln	Ala	Val	Gly	Ile	Cys	
			4295					4300					4305		
aac	cca	aag	gtt	gaa	cgc	gat	gaa	caa	ttt	ggg	gta	tgg	cgt	tta	33125
Asn	Pro	Lys	Val	Glu	Arg	Asp	Glu	Gln	Phe	Gly	Val	Trp	Arg	Leu	
			4310					4315					4320		
aac	gat	ctt	gct	gat	gcg	gtt	ggt	cat	att	gtt	ggg	aca	ata	caa	33170
Asn	Asp	Leu	Ala	Asp	Ala	Val	Gly	His	Ile	Val	Gly	Thr	Ile	Gln	
			4325					4330					4335		
gga	atc	cga	acg	caa	atg	aga	gtg	gga	ata	tcc	agc	ctg	cgc	aca	33215
Gly	Ile	Arg	Thr	Gln	Met	Arg	Val	Gly	Ile	Ser	Ser	Leu	Arg	Thr	
			4340					4345					4350		
att	atg	gcc	gat	gct	tcc	tca	gcc	ctt	agg	gaa	tgt	gaa	aat	tta	33260
Ile	Met	Ala	Asp	Ala	Ser	Ser	Ala	Leu	Arg	Glu	Cys	Glu	Asn	Leu	
			4355					4360					4365		
atg	act	aaa	acc	tcc	act	tct	gct	att	ggg	cct	ctt	ttt	tca	acg	33305
Met	Thr	Lys	Thr	Ser	Thr	Ser	Ala	Ile	Gly	Pro	Leu	Phe	Ser	Thr	
			4370					4375					4380		
atg	gct	tcc	cgg	tat	gca	cgg	ttt	aca	cag	gat	caa	atg	gac	att	33350
Met	Ala	Ser	Arg	Tyr	Ala	Arg	Phe	Thr	Gln	Asp	Gln	Met	Asp	Ile	
			4385					4390					4395		
tta	atg	cgt	gtt	gac	aaa	cta	aca	aca	gga	gaa	aat	ata	ccc	ggt	33395
Leu	Met	Arg	Val	Asp	Lys	Leu	Thr	Thr	Gly	Glu	Asn	Ile	Pro	Gly	
			4400					4405					4410		
ctt	gca	aat	gta	gag	att	ttt	tta	aat	agg	tgg	gaa	cga	ata	gca	33440
Leu	Ala	Asn	Val	Glu	Ile	Phe	Leu	Asn	Arg	Trp	Glu	Arg	Ile	Ala	
			4415					4420					4425		
aca	gct	tgt	agg	cat	gcc	acg	gca	gtc	ccg	tcg	gcc	gaa	tct	att	33485
Thr	Ala	Cys	Arg	His	Ala	Thr	Ala	Val	Pro	Ser	Ala	Glu	Ser	Ile	
			4430					4435					4440		
gca	acc	gtg	tgt	aat	gaa	ttg	agg	cgc	ggt	tta	aaa	aat	ata	caa	33530
Ala	Thr	Val	Cys	Asn	Glu	Leu	Arg	Arg	Gly	Leu	Lys	Asn	Ile	Gln	
			4445					4450					4455		
gag	gat	cgt	gta	aat	gcc	cca	acc	tca	tat	atg	agt	cac	gcc	cga	33575
Glu	Asp	Arg	Val	Asn	Ala	Pro	Thr	Ser	Tyr	Met	Ser	His	Ala	Arg	
			4460					4465					4470		
aat	ctg	gaa	gat	cac	aag	gca	gca	gtt	tca	ttc	gtt	atg	gac	tcc	33620
Asn	Leu	Glu	Asp	His	Lys	Ala	Ala	Val	Ser	Phe	Val	Met	Asp	Ser	
			4475					4480					4485		

agg caa cag ttt att gtg gat tct gga cct cag atg ggc gcg gtt 33665  
 Arg Gln Gln Phe Ile Val Asp Ser Gly Pro Gln Met Gly Ala Val  
 4490 4495 4500

tta act tca caa tgt aat ata gga aca tgg gag aat gta aat gca 33710  
 Leu Thr Ser Gln Cys Asn Ile Gly Thr Trp Glu Asn Val Asn Ala  
 4505 4510 4515

acg ttt tta cat gat aat gtt aaa ata acg aca acg gtc aga gac 33755  
 Thr Phe Leu His Asp Asn Val Lys Ile Thr Thr Thr Val Arg Asp  
 4520 4525 4530

gta att tca gag gct ccg acg ctg ata ata gga caa aga tgg ctt 33800  
 Val Ile Ser Glu Ala Pro Thr Leu Ile Ile Gly Gln Arg Trp Leu  
 4535 4540 4545

cgt cca gat gag att tta tct aat gta gat ttg cgt ctt ggc gta 33845  
 Arg Pro Asp Glu Ile Leu Ser Asn Val Asp Leu Arg Leu Gly Val  
 4550 4555 4560

ccc ggg aat aca agt ggg agt gac cct taa tataaaacag gcgtgtttat 33895  
 Pro Gly Asn Thr Ser Gly Ser Asp Pro  
 4565 4570

gtacattaaa gtatttgtgg tttttattga ctgggcgttt cgtttgtata acgctgttgt 33955

tgctagtatt ttcataacct cctaggtttt tggagctaca cgtgcttatt caacgctctt 34015

tgggatttga atcatcgtaa acgtagcgtc cctaccagtt gagcgcgtaa ttttcgtaag 34075

caataaa atg gat ata att ccg cct ata gct gtc act gtt gcg gga gtg 34124  
 Met Asp Ile Ile Pro Pro Ile Ala Val Thr Val Ala Gly Val  
 4575 4580

gga agc cgt aat caa ttt gac ggt gcc ctg gga ccg gcg tca ggt 34169  
 Gly Ser Arg Asn Gln Phe Asp Gly Ala Leu Gly Pro Ala Ser Gly  
 4585 4590 4595

ctg tca tgt tta aga aca tct tta tcg ttt ttg cat atg aca tat 34214  
 Leu Ser Cys Leu Arg Thr Ser Leu Ser Phe Leu His Met Thr Tyr  
 4600 4605 4610

gcg cat gga att aat gca acc ctg tca tca gac atg att gat gga 34259  
 Ala His Gly Ile Asn Ala Thr Leu Ser Ser Asp Met Ile Asp Gly  
 4615 4620 4625

tgt tta caa gag ggt gca gca tgg act acg gat ctg tct aat atg 34304  
 Cys Leu Gln Glu Gly Ala Ala Trp Thr Thr Asp Leu Ser Asn Met  
 4630 4635 4640

ggg Gly 4645	agg Arg	ggt Gly	gtc Val	cca Pro	gat Asp 4650	atg Met	tgt Cys	gct Ala	ctt Leu	gtt Val 4655	gat Asp	ctc Leu	ccc Pro	aat Asn	34349
cga Arg 4660	att Ile	tca Ser	tat Tyr	att Ile	aaa Lys 4665	ctg Leu	ggg Gly	gac Asp	act Thr	acc Thr 4670	agt Ser	acg Thr	tgc Cys	tgc Cys	34394
gtt Val 4675	ttg Leu	tct Ser	aga Arg	ata Ile	tac Tyr 4680	ggc Gly	gat Asp	agc Ser	cat His	ttt Phe 4685	ttt Phe	acc Thr	gtt Val	cca Pro	34439
gac Asp 4690	gag Glu	ggt Gly	ttt Phe	atg Met	tgc Cys 4695	aca Thr	caa Gln	att Ile	ccc Pro	gct Ala 4700	aga Arg	gcg Ala	ttt Phe	ttc Phe	34484
gat Asp 4705	gat Asp	gtg Val	tgg Trp	atg Met	gga Gly 4710	cgt Arg	gaa Glu	gag Glu	tcg Ser	tat Tyr 4715	aca Thr	att Ile	ata Ile	act Thr	34529
gta Val 4720	gac Asp	tca Ser	acg Thr	gga Gly	atg Met 4725	gcc Ala	atc Ile	tat Tyr	cgt Arg	cag Gln 4730	gga Gly	aac Asn	ata Ile	tct Ser	34574
ttt Phe 4735	att Ile	ttt Phe	gat Asp	cca Pro	cat His 4740	ggc Gly	cat His	ggg Gly	act Thr	ata Ile 4745	gga Gly	cag Gln	gct Ala	gta Val	34619
gtt Val 4750	gtt Val	cgg Arg	gtg Val	aat Asn	acc Thr 4755	acg Thr	gat Asp	gtg Val	tac Tyr	tct Ser 4760	tat Tyr	atc Ile	gca Ala	tcg Ser	34664
gag Glu 4765	tat Tyr	acc Thr	cac His	cgc Arg	ccc Pro 4770	gat Asp	aac Asn	gta Val	gaa Glu	tcc Ser 4775	caa Gln	tgg Trp	gcc Ala	gct Ala	34709
gca Ala 4780	tta Leu	gtt Val	ttt Phe	ttt Phe	gtc Val 4785	acc Thr	gca Ala	aac Asn	gac Asp	ggg Gly 4790	ccc Pro	gta Val	agc Ser	gaa Glu	34754
gaa Glu 4795	gcg Ala	cta Leu	tct Ser	tcg Ser	gca Ala 4800	gta Val	acg Thr	ctt Leu	ata Ile	tac Tyr 4805	gga Gly	agc Ser	tgt Cys	gat Asp	34799
aca Thr 4810	tat Tyr	ttt Phe	aca Thr	gat Asp	gaa Glu 4815	caa Gln	tat Tyr	tgc Cys	gaa Glu	aaa Lys 4820	ctg Leu	gtt Val	aca Thr	gct Ala	34844
caa 4810	cat 4810	ccg 4810	ttg 4810	ctt 4810	ctt 4810	tca 4810	cct 4810	cct 4810	aat 4810	tcc 4810	acg 4810	aca 4810	att 4810	gtg 4810	34889

Gln 4825	His	Pro	Leu	Leu	Leu 4830	Ser	Pro	Pro	Asn	Ser 4835	Thr	Thr	Ile	Val	
ctt	aat	aaa	tcg	tct	ata	gta	cct	ctt	cac	caa	aac	gtt	ggt	gaa	34934
Leu 4840	Asn	Lys	Ser	Ser	Ile 4845	Val	Pro	Leu	His	Gln 4850	Asn	Val	Gly	Glu	
agt	gta	tcc	ttg	gaa	gca	acc	cta	cat	tca	acg	tta	acc	aac	acg	34979
Ser 4855	Val	Ser	Leu	Glu	Ala 4860	Thr	Leu	His	Ser	Thr 4865	Leu	Thr	Asn	Thr	
gtt	gca	ctg	gac	cct	aga	tgt	agt	tac	agc	gag	gtt	gat	cct	tgg	35024
Val 4870	Ala	Leu	Asp	Pro	Arg 4875	Cys	Ser	Tyr	Ser	Glu 4880	Val	Asp	Pro	Trp	
cat	gcg	gtt	cta	gaa	aca	acc	tcg	act	ggg	tct	ggc	gtt	ttg	gat	35069
His 4885	Ala	Val	Leu	Glu	Thr 4890	Thr	Ser	Thr	Gly	Ser 4895	Gly	Val	Leu	Asp	
tgt	cgt	cgt	aga	cgc	cgt	cct	tca	tgg	act	cct	cct	tca	agc	gag	35114
Cys 4900	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg 4905	Pro	Ser	Trp	Thr	Pro 4910	Pro	Ser	Ser	Glu	
gaa	aat	tta	gct	tgt	atc	gac	gat	ggc	ttg	gta	aat	aat	aca	cat	35159
Glu 4915	Asn	Leu	Ala	Cys	Ile 4920	Asp	Asp	Gly	Leu	Val 4925	Asn	Asn	Thr	His	
tcc	acg	gat	aat	tta	cat	aaa	ccc	gct	aaa	aag	gtt	ctc	aaa	ttt	35204
Ser 4930	Thr	Asp	Asn	Leu	His 4935	Lys	Pro	Ala	Lys	Lys 4940	Val	Leu	Lys	Phe	
aaa	cca	act	gta	gac	gtg	ccg	gat	aaa	aca	caa	gtg	gca	cat	gta	35249
Lys 4945	Pro	Thr	Val	Asp	Val 4950	Pro	Asp	Lys	Thr	Gln 4955	Val	Ala	His	Val	
tta	ccc	cgc	cta	cga	gaa	gtt	gct	aac	acc	cca	gac	gtt	gtg	tta	35294
Leu 4960	Pro	Arg	Leu	Arg	Glu 4965	Val	Ala	Asn	Thr	Pro 4970	Asp	Val	Val	Leu	
aat	gta	tcc	aat	gta	gat	acg	cct	gaa	tcc	agt	ccc	act	ttt	tca	35339
Asn 4975	Val	Ser	Asn	Val	Asp 4980	Thr	Pro	Glu	Ser	Ser 4985	Pro	Thr	Phe	Ser	
cgg	aac	atg	aat	gta	gga	agc	agt	ttg	aaa	gat	cgg	aag	cca	ttt	35384
Arg 4990	Asn	Met	Asn	Val	Gly 4995	Ser	Ser	Leu	Lys	Asp 5000	Arg	Lys	Pro	Phe	
cta	ttt	gaa	cag	agt	ggt	gat	gtc	aac	atg	gtt	gtc	gaa	aaa	cta	35429
Leu 5005	Phe	Glu	Gln	Ser	Gly 5010	Asp	Val	Asn	Met	Val 5015	Val	Glu	Lys	Leu	



cta	caa	cat	ggg	cat	gaa	att	agc	aat	gga	tac	gta	caa	aat	gcg	35474
Leu	Gln	His	Gly	His	Glu	Ile	Ser	Asn	Gly	Tyr	Val	Gln	Asn	Ala	
5020					5025					5030					
gtg	ggt	acg	ttg	gat	act	gtt	att	acc	ggt	cat	aca	aat	gtt	ccc	35519
Val	Gly	Thr	Leu	Asp	Thr	Val	Ile	Thr	Gly	His	Thr	Asn	Val	Pro	
5035					5040					5045					
att	tgg	gta	aca	agg	ccc	ttg	gtt	atg	cca	gac	gaa	aag	gat	cca	35564
Ile	Trp	Val	Thr	Arg	Pro	Leu	Val	Met	Pro	Asp	Glu	Lys	Asp	Pro	
5050					5055					5060					
ttg	gag	ctt	ttt	att	aac	ctc	acc	att	ttg	cgt	tta	acg	gga	ttt	35609
Leu	Glu	Leu	Phe	Ile	Asn	Leu	Thr	Ile	Leu	Arg	Leu	Thr	Gly	Phe	
5065					5070					5075					
gtg	gtg	gaa	aat	gga	aca	cgt	aca	cat	cat	ggt	gct	aca	agc	gtt	35654
Val	Val	Glu	Asn	Gly	Thr	Arg	Thr	His	His	Gly	Ala	Thr	Ser	Val	
5080					5085					5090					
gta	tca	gac	ttt	ata	ggt	ccc	ctt	ggg	gaa	att	tta	aca	gga	ttt	35699
Val	Ser	Asp	Phe	Ile	Gly	Pro	Leu	Gly	Glu	Ile	Leu	Thr	Gly	Phe	
5095					5100					5105					
ccc	tcc	gcc	gcg	gaa	ctt	ata	cgc	gtt	aca	agt	ttg	ata	tta	aca	35744
Pro	Ser	Ala	Ala	Glu	Leu	Ile	Arg	Val	Thr	Ser	Leu	Ile	Leu	Thr	
5110					5115					5120					
aac	atg	ccg	ggg	gcg	gaa	tat	gct	att	aaa	act	gtt	ctc	cgg	aaa	35789
Asn	Met	Pro	Gly	Ala	Glu	Tyr	Ala	Ile	Lys	Thr	Val	Leu	Arg	Lys	
5125					5130					5135					
aaa	tgt	aca	att	ggc	atg	ctc	att	atc	gct	aag	ttt	ggt	cta	gtt	35834
Lys	Cys	Thr	Ile	Gly	Met	Leu	Ile	Ile	Ala	Lys	Phe	Gly	Leu	Val	
5140					5145					5150					
gcc	atg	cgg	gtt	cag	gat	aca	acc	ggc	gct	tta	cat	gcc	gaa	cta	35879
Ala	Met	Arg	Val	Gln	Asp	Thr	Thr	Gly	Ala	Leu	His	Ala	Glu	Leu	
5155					5160					5165					
gat	gtg	tta	gaa	gcg	gat	cta	gga	ggt	tcg	tcg	ccc	ata	gac	ctc	35924
Asp	Val	Leu	Glu	Ala	Asp	Leu	Gly	Gly	Ser	Ser	Pro	Ile	Asp	Leu	
5170					5175					5180					
tat	tct	aga	ctg	tcg	aca	ggt	ctt	ata	agt	ata	cta	aat	tcg	cct	35969
Tyr	Ser	Arg	Leu	Ser	Thr	Gly	Leu	Ile	Ser	Ile	Leu	Asn	Ser	Pro	
5185					5190					5195					
att	att	tct	cat	ccc	gga	ctt	ttt	gcc	gag	ctt	att	cca	acc	cgt	36014

Ile 5200	Ile	Ser	His	Pro	Gly 5205	Leu	Phe	Ala	Glu	Leu 5210	Ile	Pro	Thr	Arg	
aca 5215	ggg	tcc	ctg	tct	gaa 5220	cga	ata	cgt	ctt	ctt 5225	tgt	gaa	tta	gtc	36059
Thr	Gly	Ser	Leu	Ser	Glu	Arg	Ile	Arg	Leu	Leu	Cys	Glu	Leu	Val	
tcg 5230	gcc	cgg	gag	aca	cgc 5235	tat	atg	cgt	gaa	cac 5240	acc	gcg	ctt	gtt	36104
Ser	Ala	Arg	Glu	Thr	Arg	Tyr	Met	Arg	Glu	His	Thr	Ala	Leu	Val	
tct 5245	agt	gta	aag	gct	tta 5250	gag	aat	gca	tta	cgg 5255	tct	acc	cgc	aat	36149
Ser	Ser	Val	Lys	Ala	Leu	Glu	Asn	Ala	Leu	Arg	Ser	Thr	Arg	Asn	
aaa 5260	att	gat	gcc	att	caa 5265	ata	cca	gaa	gtt	ccc 5270	cag	gaa	ccc	ccg	36194
Lys	Ile	Asp	Ala	Ile	Gln	Ile	Pro	Glu	Val	Pro	Gln	Glu	Pro	Pro	
gaa 5275	gaa	acc	gac	att	cca 5280	ccc	gaa	gag	tta	att 5285	cgg	cgt	gta	tat	36239
Glu	Glu	Thr	Asp	Ile	Pro	Pro	Glu	Glu	Leu	Ile	Arg	Arg	Val	Tyr	
gag 5290	ata	cga	tcc	gaa	gtt 5295	aca	atg	cta	ttg	acc 5300	tcg	gct	gtt	aca	36284
Glu	Ile	Arg	Ser	Glu	Val	Thr	Met	Leu	Leu	Thr	Ser	Ala	Val	Thr	
gaa 5305	tac	ttc	acc	cgc	gga 5310	gtg	tta	tat	agc	aca 5315	cgg	gcc	ttg	atc	36329
Glu	Tyr	Phe	Thr	Arg	Gly	Val	Leu	Tyr	Ser	Thr	Arg	Ala	Leu	Ile	
gct 5320	gaa	caa	tcc	cct	agg 5325	cgt	ttt	cgg	gtc	gcg 5330	acc	gca	agt	acg	36374
Ala	Glu	Gln	Ser	Pro	Arg	Arg	Phe	Arg	Val	Ala	Thr	Ala	Ser	Thr	
gca 5335	ccc	att	caa	cgg	ctt 5340	tta	gat	tct	ctt	ccg 5345	gaa	ttc	gac	gct	36419
Ala	Pro	Ile	Gln	Arg	Leu	Leu	Asp	Ser	Leu	Pro	Glu	Phe	Asp	Ala	
aaa 5350	tta	acg	gca	atc	ata 5355	tcg	tcc	ctg	tct	ata 5360	cac	cct	cct	cct	36464
Lys	Leu	Thr	Ala	Ile	Ile	Ser	Ser	Leu	Ser	Ile	His	Pro	Pro	Pro	
gag 5365	act	ata	caa	aat	ctc 5370	ccc	gtc	gta	tct	ctg 5375	tta	aaa	gag	ctt	36509
Glu	Thr	Ile	Gln	Asn	Leu	Pro	Val	Val	Ser	Leu	Leu	Lys	Glu	Leu	
att 5380	aaa	gaa	ggg	gaa	gat 5385	tta	aac	aca	gac	acg 5390	gct	ctc	gta	tcg	36554
Ile	Lys	Glu	Gly	Glu	Asp	Leu	Asn	Thr	Asp	Thr	Ala	Leu	Val	Ser	

tgg Trp 5395	tta Leu	tct Ser	gta Val	gtc Val	ggg Gly 5400	gaa Glu	gct Ala	caa Gln	acc Thr	gca Ala 5405	ggt Gly	tac Tyr	tta Leu	tcc Ser	36599
aga Arg 5410	cga Arg	gag Glu	ttc Phe	gat Asp	gaa Glu 5415	tta Leu	tca Ser	cgt Arg	aca Thr	att Ile 5420	aaa Lys	acc Thr	att Ile	aat Asn	36644
aca Thr 5425	cgc Arg	gca Ala	acg Thr	caa Gln	cgg Arg 5430	gct Ala	tcc Ser	gcg Ala	gaa Glu	gca Ala 5435	gag Glu	ttg Leu	tct Ser	tgc Cys	36689
ttt Phe 5440	aat Asn	acg Thr	cta Leu	agc Ser	gcg Ala 5445	gcc Ala	gta Val	gac Asp	caa Gln	gcc Ala 5450	gta Val	aag Lys	gac Asp	tat Tyr	36734
gaa Glu 5455	aca Thr	tat Tyr	aac Asn	aat Asn	ggt Gly 5460	gag Glu	gtc Val	aag Lys	tat Tyr	cct Pro 5465	gaa Glu	ata Ile	aca Thr	cgg Arg	36779
gat Asp 5470	gat Asp	tta Leu	tta Leu	gca Ala	aca Thr 5475	att Ile	gta Val	cgt Arg	gct Ala	aca Thr 5480	gac Asp	gat Asp	ttg Leu	gtg Val	36824
cga Arg 5485	cag Gln	ata Ile	aaa Lys	att Ile	tta Leu 5490	agt Ser	gat Asp	cca Pro	atg Met	atc Ile 5495	caa Gln	tcc Ser	ggt Gly	tta Leu	36869
caa Gln 5500	cct Pro	tcg Ser	att Ile	aaa Lys	aga Arg 5505	cga Arg	ttg Leu	gaa Glu	aca Thr	agg Arg 5510	ctt Leu	aaa Lys	gag Glu	gtt Val	36914
cag Gln 5515	acg Thr	tat Tyr	gca Ala	aac Asn	gag Glu 5520	gcc Ala	cga Arg	acc Thr	aca Thr	cag Gln 5525	gac Asp	aca Thr	ata Ile	aag Lys	36959
agt Ser 5530	cga Arg	aaa Lys	cag Gln	gcg Ala	gca Ala 5535	tat Tyr	aat Asn	aaa Lys	ctc Leu	ggg Gly 5540	ggg Gly	tta Leu	ctt Leu	cgc Arg	37004
ccg Pro 5545	gta Val	acc Thr	ggt Gly	ttt Phe	gtg Val 5550	gga Gly	ctt Leu	agg Arg	gct Ala	gca Ala 5555	gta Val	gat Asp	tta Leu	tta Leu	37049
ccg Pro 5560	gaa Glu	ctt Leu	gct Ala	tct Ser	gag Glu 5565	tta Leu	gat Asp	gtc Val	caa Gln	gga Gly 5570	gcc Ala	ctg Leu	gta Val	aat Asn	37094
ctc	agg	acc	aaa	gtc	tta	gag	gcg	ccg	gta	gag	atc	cgt	tct	caa	37139

Leu 5575	Arg	Thr	Lys	Val	Leu 5580	Glu	Ala	Pro	Val	Glu 5585	Ile	Arg	Ser	Gln	
ctt	acg	ggt	gat	ttc	tgg	gcg	tta	ttt	aac	caa	tat	cga	gac	att	37184
Leu 5590	Thr	Gly	Asp	Phe	Trp 5595	Ala	Leu	Phe	Asn	Gln 5600	Tyr	Arg	Asp	Ile	
tta	gaa	cat	ccc	gga	aac	gca	cgc	aca	tct	gtc	tta	gga	gga	ctg	37229
Leu 5605	Glu	His	Pro	Gly	Asn 5610	Ala	Arg	Thr	Ser	Val 5615	Leu	Gly	Gly	Leu	
gga	gct	tgt	ttt	aca	gct	att	atc	gaa	att	gtg	ccg	ata	cct	acg	37274
Gly 5620	Ala	Cys	Phe	Thr	Ala 5625	Ile	Ile	Glu	Ile	Val 5630	Pro	Ile	Pro	Thr	
gag	tat	aga	cca	tca	ttg	ctt	gcg	ttt	ttt	ggt	gac	gtg	gca	gat	37319
Glu 5635	Tyr	Arg	Pro	Ser	Leu 5640	Leu	Ala	Phe	Phe	Gly 5645	Asp	Val	Ala	Asp	
gtg	ctt	gca	tcc	gac	atc	gcg	acc	gta	tct	act	aac	ccg	gaa	agt	37364
Val 5650	Leu	Ala	Ser	Asp	Ile 5655	Ala	Thr	Val	Ser	Thr 5660	Asn	Pro	Glu	Ser	
gag	tcc	gcc	ata	aac	gct	gtt	gtt	gca	act	ctt	agt	aaa	gcg	acg	37409
Glu 5665	Ser	Ala	Ile	Asn	Ala 5670	Val	Val	Ala	Thr	Leu 5675	Ser	Lys	Ala	Thr	
tta	gtt	tca	tct	aca	gtg	cca	gcc	tta	tcc	ttt	gtg	ttg	tcg	tta	37454
Leu 5680	Val	Ser	Ser	Thr	Val 5685	Pro	Ala	Leu	Ser	Phe 5690	Val	Leu	Ser	Leu	
tat	aaa	aaa	tat	cag	gct	tta	caa	caa	gaa	att	acg	aat	acc	cat	37499
Tyr 5695	Lys	Lys	Tyr	Gln	Ala 5700	Leu	Gln	Gln	Glu	Ile 5705	Thr	Asn	Thr	His	
aag	ttg	act	gaa	tta	caa	aaa	caa	ctt	gga	gat	gac	ttc	tcc	acc	37544
Lys 5710	Leu	Thr	Glu	Leu	Gln 5715	Lys	Gln	Leu	Gly	Asp 5720	Asp	Phe	Ser	Thr	
cta	gct	gtc	tca	tct	gga	cac	ttg	aag	ttt	ata	tca	tct	tca	aat	37589
Leu 5725	Ala	Val	Ser	Ser	Gly 5730	His	Leu	Lys	Phe	Ile 5735	Ser	Ser	Ser	Asn	
gta	gat	gat	tat	gaa	ata	aac	gat	gcg	ata	tta	tca	ata	caa	aca	37634
Val 5740	Asp	Asp	Tyr	Glu	Ile 5745	Asn	Asp	Ala	Ile	Leu 5750	Ser	Ile	Gln	Thr	
aat	gtg	cac	gcc	cta	atg	gat	acg	gtt	aaa	ctt	gtt	gaa	gtt	gaa	37679
Asn 5755	Val	His	Ala	Leu	Met 5760	Asp	Thr	Val	Lys	Leu 5765	Val	Glu	Val	Glu	



ctg	caa	aag	cta	ccc	ccc	cat	tgt	att	gct	ggg	aca	tct	acc	tta	37724
Leu	Gln	Lys	Leu	Pro	Pro	His	Cys	Ile	Ala	Gly	Thr	Ser	Thr	Leu	
5770					5775					5780					
tct	cga	gta	gta	aag	gat	ctt	cat	aaa	ctc	gtc	aca	atg	gca	cat	37769
Ser	Arg	Val	Val	Lys	Asp	Leu	His	Lys	Leu	Val	Thr	Met	Ala	His	
5785					5790					5795					
gag	aag	aag	gaa	cag	gca	aaa	gtg	tta	att	acc	gat	tgt	gaa	cgt	37814
Glu	Lys	Lys	Glu	Gln	Ala	Lys	Val	Leu	Ile	Thr	Asp	Cys	Glu	Arg	
5800					5805					5810					
gca	cat	aaa	caa	caa	acg	act	cgg	gtt	ttg	tat	gag	cgt	tgg	aca	37859
Ala	His	Lys	Gln	Gln	Thr	Thr	Arg	Val	Leu	Tyr	Glu	Arg	Trp	Thr	
5815					5820					5825					
cgt	gat	att	ata	gca	tgt	ctg	gag	gca	atg	gaa	acg	cgc	cat	ata	37904
Arg	Asp	Ile	Ile	Ala	Cys	Leu	Glu	Ala	Met	Glu	Thr	Arg	His	Ile	
5830					5835					5840					
ttt	aac	ggg	aca	gaa	ctg	gca	cgg	ttg	cga	gat	atg	gcc	gct	gcg	37949
Phe	Asn	Gly	Thr	Glu	Leu	Ala	Arg	Leu	Arg	Asp	Met	Ala	Ala	Ala	
5845					5850					5855					
gga	ggg	ttt	gat	ata	cac	gca	gtt	tac	cca	caa	gca	cgt	cag	gtt	37994
Gly	Gly	Phe	Asp	Ile	His	Ala	Val	Tyr	Pro	Gln	Ala	Arg	Gln	Val	
5860					5865					5870					
gta	gcg	gca	tgt	gaa	act	aca	gcc	gtt	acg	gca	tta	gat	act	gtg	38039
Val	Ala	Ala	Cys	Glu	Thr	Thr	Ala	Val	Thr	Ala	Leu	Asp	Thr	Val	
5875					5880					5885					
ttt	cgc	cac	aat	cca	tat	acc	ccc	gaa	aat	aca	aat	att	cca	cca	38084
Phe	Arg	His	Asn	Pro	Tyr	Thr	Pro	Glu	Asn	Thr	Asn	Ile	Pro	Pro	
5890					5895					5900					
cct	ttg	gct	ttg	tta	aga	ggg	tta	aca	tgg	ttt	gat	gat	ttt	tcg	38129
Pro	Leu	Ala	Leu	Leu	Arg	Gly	Leu	Thr	Trp	Phe	Asp	Asp	Phe	Ser	
5905					5910					5915					
att	acg	gct	ccc	gta	ttc	acc	gtt	atg	ttt	cca	ggt	gtt	agt	att	38174
Ile	Thr	Ala	Pro	Val	Phe	Thr	Val	Met	Phe	Pro	Gly	Val	Ser	Ile	
5920					5925					5930					
gag	gga	ctc	ctt	ctg	ctt	atg	cgt	att	cgc	gcg	gtt	gtg	tta	tta	38219
Glu	Gly	Leu	Leu	Leu	Leu	Met	Arg	Ile	Arg	Ala	Val	Val	Leu	Leu	
5935					5940					5945					
tcc	gcc	gat	acg	tct	att	aat	gga	ata	cct	aac	tac	cga	gat	atg	38264

Ser 5950	Ala	Asp	Thr	Ser	Ile 5955	Asn	Gly	Ile	Pro	Asn 5960	Tyr	Arg	Asp	Met	
ata 5965	tta	cga	acc	tcg	ggg 5970	gat	cta	tta	caa	ata 5975	ccc	gca	ttg	gct	38309
Ile	Leu	Arg	Thr	Ser	Gly	Asp	Leu	Leu	Gln	Ile	Pro	Ala	Leu	Ala	
ggg 5980	tat	gtt	gat	ttt	tac 5985	aca	cgg	tct	tat	gat 5990	cag	ttt	ata	acc	38354
Gly	Tyr	Val	Asp	Phe	Tyr	Thr	Arg	Ser	Tyr	Asp	Gln	Phe	Ile	Thr	
gaa 5995	agt	gta	acg	tta	agt 6000	gaa	ctt	aga	gca	gac 6005	atc	aga	cag	gct	38399
Glu	Ser	Val	Thr	Leu	Ser	Glu	Leu	Arg	Ala	Asp	Ile	Arg	Gln	Ala	
gcc 6010	ggg	gct	aaa	ctt	aca 6015	gaa	gca	aat	aag	gct 6020	ttg	gag	gaa	gta	38444
Ala	Gly	Ala	Lys	Leu	Thr	Glu	Ala	Asn	Lys	Ala	Leu	Glu	Glu	Val	
act 6025	cat	gtt	cgg	gca	cac 6030	gaa	acg	gct	aaa	ctt 6035	gca	ctt	aaa	gaa	38489
Thr	His	Val	Arg	Ala	His	Glu	Thr	Ala	Lys	Leu	Ala	Leu	Lys	Glu	
ggt 6040	gtc	ttc	att	aca	tta 6045	cca	agc	gaa	ggt	tta 6050	ttg	att	cgg	gct	38534
Gly	Val	Phe	Ile	Thr	Leu	Pro	Ser	Glu	Gly	Leu	Leu	Ile	Arg	Ala	
ata 6055	gag	tat	ttt	aca	act 6060	ttc	gat	cat	aaa	cga 6065	ttt	ata	gga	acg	38579
Ile	Glu	Tyr	Phe	Thr	Thr	Phe	Asp	His	Lys	Arg	Phe	Ile	Gly	Thr	
gca 6070	tat	gaa	aga	gtt	tta 6075	caa	aca	atg	gta	gac 6080	cgc	gat	cta	aag	38624
Ala	Tyr	Glu	Arg	Val	Leu	Gln	Thr	Met	Val	Asp	Arg	Asp	Leu	Lys	
gag 6085	gcc	aac	gca	gag	ctt 6090	gca	cag	ttt	cgt	atg 6095	gtg	tgt	cag	gca	38669
Glu	Ala	Asn	Ala	Glu	Leu	Ala	Gln	Phe	Arg	Met	Val	Cys	Gln	Ala	
aca 6100	aag	aac	cgt	gca	ata 6105	caa	att	tta	caa	aac 6110	att	gtt	gat	acg	38714
Thr	Lys	Asn	Arg	Ala	Ile	Gln	Ile	Leu	Gln	Asn	Ile	Val	Asp	Thr	
gcc 6115	aat	gcc	act	gag	caa 6120	caa	gaa	gac	gtg	gat 6125	ttc	act	aac	ctg	38759
Ala	Asn	Ala	Thr	Glu	Gln	Gln	Glu	Asp	Val	Asp	Phe	Thr	Asn	Leu	
aag 6130	acg	tta	tta	aaa	cta 6135	acc	ccc	cct	ccc	aaa 6140	aca	att	gca	ttg	38804
Lys	Thr	Leu	Leu	Lys	Leu	Thr	Pro	Pro	Pro	Lys	Thr	Ile	Ala	Leu	

gcc att gat aga tct act tcc gtt cag gac att gtc acg cag ttt Ala Ile Asp Arg Ser Thr Ser Val Gln Asp Ile Val Thr Gln Phe 6145 6150 6155	38849
gca ttg ctg tta ggg cgt ctg gaa gaa gaa act ggt acg ttg gac Ala Leu Leu Leu Gly Arg Leu Glu Glu Glu Thr Gly Thr Leu Asp 6160 6165 6170	38894
att cag gcg gtt gac tgg atg tac caa gct cgc aat att att gac Ile Gln Ala Val Asp Trp Met Tyr Gln Ala Arg Asn Ile Ile Asp 6175 6180 6185	38939
tcc cat cca cta agt gtg cgt ata gac ggt acc ggc ccc ctg cat Ser His Pro Leu Ser Val Arg Ile Asp Gly Thr Gly Pro Leu His 6190 6195 6200	38984
act tat aaa gat agg gtg gat aaa ctt tat gcg tta cga act aaa Thr Tyr Lys Asp Arg Val Asp Lys Leu Tyr Ala Leu Arg Thr Lys 6205 6210 6215	39029
tta gat ctc cta cga cga cga ata gaa acc ggt gag gtt acg tgg Leu Asp Leu Leu Arg Arg Arg Ile Glu Thr Gly Glu Val Thr Trp 6220 6225 6230	39074
gac gat gca tgg aca aca ttt aaa aga gaa acg ggg gat atg ttg Asp Asp Ala Trp Thr Thr Phe Lys Arg Glu Thr Gly Asp Met Leu 6235 6240 6245	39119
gca tcg ggg gac acg tac gct act tcc gta gat agt ata aag gca Ala Ser Gly Asp Thr Tyr Ala Thr Ser Val Asp Ser Ile Lys Ala 6250 6255 6260	39164
ctc cag gca tcg gcg tct gtg gtt gac atg ctt tgt tcc gaa ccc Leu Gln Ala Ser Ala Ser Val Val Asp Met Leu Cys Ser Glu Pro 6265 6270 6275	39209
gaa ttt ttt tta ttg cct gtg gaa acg aaa aac cgt ctc caa aaa Glu Phe Phe Leu Leu Pro Val Glu Thr Lys Asn Arg Leu Gln Lys 6280 6285 6290	39254
aag caa cag gaa cgt aaa acg gcg ttg gat gtt gtg ttg caa aaa Lys Gln Gln Glu Arg Lys Thr Ala Leu Asp Val Val Leu Gln Lys 6295 6300 6305	39299
caa aga cag ttt gaa gag acc gcg tct cgc tta cga gct tta att Gln Arg Gln Phe Glu Glu Thr Ala Ser Arg Leu Arg Ala Leu Ile 6310 6315 6320	39344
gaa cgt att cca acg gag agt gac cat gac gtt ctt cgt atg tta	39389

Glu 6325	Arg	Ile	Pro	Thr	Glu 6330	Ser	Asp	His	Asp	Val 6335	Leu	Arg	Met	Leu	
tta	cgt	gat	ttc	gat	caa	ttt	aca	cat	ttg	cct	ata	tgg	ata	aaa	39434
Leu 6340	Arg	Asp	Phe	Asp	Gln 6345	Phe	Thr	His	Leu	Pro 6350	Ile	Trp	Ile	Lys	
aca	cag	tat	atg	aca	ttt	cga	aat	tta	ctc	atg	gta	cgg	tta	ggc	39479
Thr 6355	Gln	Tyr	Met	Thr	Phe 6360	Arg	Asn	Leu	Leu	Met 6365	Val	Arg	Leu	Gly	
ttg	tat	gca	agt	tat	gct	gag	att	ttt	cca	ccc	gcg	tct	cca	aac	39524
Leu 6370	Tyr	Ala	Ser	Tyr	Ala 6375	Glu	Ile	Phe	Pro	Pro 6380	Ala	Ser	Pro	Asn	
gga	gta	ttt	gct	cct	att	ccc	gcc	atg	tcg	ggt	gta	tgt	cta	gaa	39569
Gly 6385	Val	Phe	Ala	Pro	Ile 6390	Pro	Ala	Met	Ser	Gly 6395	Val	Cys	Leu	Glu	
gac	caa	tcc	cga	tgc	att	cgc	gcg	cgg	gtg	gcc	gcg	ttt	atg	ggg	39614
Asp 6400	Gln	Ser	Arg	Cys	Ile 6405	Arg	Ala	Arg	Val	Ala 6410	Ala	Phe	Met	Gly	
gag	gcg	tct	gtg	gtg	caa	acg	ttt	agg	gaa	gcc	aga	tct	tct	ata	39659
Glu 6415	Ala	Ser	Val	Val	Gln 6420	Thr	Phe	Arg	Glu	Ala 6425	Arg	Ser	Ser	Ile	
gac	gct	ttg	ttt	gga	aaa	aat	tta	acc	ttt	tac	ttg	gat	act	gat	39704
Asp 6430	Ala	Leu	Phe	Gly	Lys 6435	Asn	Leu	Thr	Phe	Tyr 6440	Leu	Asp	Thr	Asp	
ggg	gtt	cca	ctt	cga	tat	aga	gtg	tgt	tat	aaa	tca	gtt	ggg	gtt	39749
Gly 6445	Val	Pro	Leu	Arg	Tyr 6450	Arg	Val	Cys	Tyr	Lys 6455	Ser	Val	Gly	Val	
aaa	ctt	gga	acc	atg	cta	tgc	agt	cag	ggt	gga	tta	tct	tta	cga	39794
Lys 6460	Leu	Gly	Thr	Met	Leu 6465	Cys	Ser	Gln	Gly	Gly 6470	Leu	Ser	Leu	Arg	
ccg	gca	ctt	ccc	gat	gaa	ggt	att	gtg	gaa	gaa	act	aca	cta	tcg	39839
Pro 6475	Ala	Leu	Pro	Asp	Glu 6480	Gly	Ile	Val	Glu	Glu 6485	Thr	Thr	Leu	Ser	
gca	tta	cgc	gtg	gcc	aat	gag	gtc	aat	gag	cta	cgc	att	gaa	tac	39884
Ala 6490	Leu	Arg	Val	Ala	Asn 6495	Glu	Val	Asn	Glu	Leu 6500	Arg	Ile	Glu	Tyr	
gaa	tcc	gct	ata	aaa	tcc	ggg	ttt	tct	gcc	ttt	tcc	acc	ttt	gtt	39929
Glu 6505	Ser	Ala	Ile	Lys	Ser 6510	Gly	Phe	Ser	Ala	Phe 6515	Ser	Thr	Phe	Val	



agg cat cgc cac gcc gaa tgg ggt aaa acc aac gca cgc aga gcc Arg His Arg His Ala Glu Trp Gly Lys Thr Asn Ala Arg Arg Ala 6520 6525 6530	39974
att gca gag ata tac gcc ggc ctt ata aca aca aca ttg aca cga Ile Ala Glu Ile Tyr Ala Gly Leu Ile Thr Thr Thr Leu Thr Arg 6535 6540 6545	40019
caa tac ggg gtt cat tgg gac aag ctt att tat tct ttt gaa aaa Gln Tyr Gly Val His Trp Asp Lys Leu Ile Tyr Ser Phe Glu Lys 6550 6555 6560	40064
cac cac cta act tct gta atg ggc aat gga cta act aaa cca atc His His Leu Thr Ser Val Met Gly Asn Gly Leu Thr Lys Pro Ile 6565 6570 6575	40109
cag aga agg ggt gat gta cgc gta tta gag tta acc cta tct gat Gln Arg Arg Gly Asp Val Arg Val Leu Glu Leu Thr Leu Ser Asp 6580 6585 6590	40154
att gta act att ttg gtt gcc aca acc ccg gta cat ctt ctc aat Ile Val Thr Ile Leu Val Ala Thr Thr Pro Val His Leu Leu Asn 6595 6600 6605	40199
ttt gct aga ttg gat tta att aaa cag cat gag tat atg gcc cgt Phe Ala Arg Leu Asp Leu Ile Lys Gln His Glu Tyr Met Ala Arg 6610 6615 6620	40244
acc ctc aga ccc gta atc gag gcc gca ttt aga ggt cgt tta ctc Thr Leu Arg Pro Val Ile Glu Ala Ala Phe Arg Gly Arg Leu Leu 6625 6630 6635	40289
gtt cgc tca ttg gat gga gac ccg aaa ggc aat gcc cgg gcc ttt Val Arg Ser Leu Asp Gly Asp Pro Lys Gly Asn Ala Arg Ala Phe 6640 6645 6650	40334
ttt aat gcc gcc cca tcc aaa cat aaa ctc ccg tta gct ctt gga Phe Asn Ala Ala Pro Ser Lys His Lys Leu Pro Leu Ala Leu Gly 6655 6660 6665	40379
tca aac caa gat cct acc ggc ggg aga ata ttt gca ttt cgg atg Ser Asn Gln Asp Pro Thr Gly Gly Arg Ile Phe Ala Phe Arg Met 6670 6675 6680	40424
gca gat tgg aaa ctt gtt aaa atg cca cag aaa ata acg gat cct Ala Asp Trp Lys Leu Val Lys Met Pro Gln Lys Ile Thr Asp Pro 6685 6690 6695	40469
ttt gcg cca tgg caa ctt tcc ccc ccc ccc ggg gta aag gcc aat	40514

Phe 6700	Ala	Pro	Trp	Gln	Leu 6705	Ser	Pro	Pro	Pro	Gly 6710	Val	Lys	Ala	Asn	
gtc Val 6715	gat Asp	gca Ala	gtt Val	acc Thr	cgt Arg 6720	ata Ile	atg Met	gca Ala	aca Thr	gat Asp 6725	cgt Arg	ctt Leu	gcg Ala	acc Thr	40559
att Ile 6730	act Thr	gta Val	ctt Leu	ggg Gly	cgc Arg 6735	atg Met	tgt Cys	ctc Leu	ccg Pro	cca Pro 6740	att Ile	tcc Ser	tta Leu	gtg Val	40604
tca Ser 6745	atg Met	tgg Trp	aat Asn	acg Thr	ctg Leu 6750	caa Gln	ccg Pro	gag Glu	gaa Glu	ttc Phe 6755	gca Ala	tac Tyr	aga Arg	aca Thr	40649
caa Gln 6760	gat Asp	gat Asp	gtg Val	gac Asp	att Ile 6765	ata Ile	gtt Val	gat Asp	gcg Ala	aga Arg 6770	ctg Leu	gat Asp	ttg Leu	tca Ser	40694
tcc Ser 6775	acg Thr	ctt Leu	aat Asn	gca Ala	aga Arg 6780	ttt Phe	gat Asp	acc Thr	gct Ala	ccc Pro 6785	agc Ser	aat Asn	acc Thr	acg Thr	40739
tta Leu 6790	gag Glu	tgg Trp	aat Asn	aca Thr	gac Asp 6795	cgt Arg	aaa Lys	gta Val	att Ile	aca Thr 6800	gat Asp	gct Ala	tat Tyr	att Ile	40784
caa Gln 6805	acc Thr	ggg Gly	gca Ala	acg Thr	aca Thr 6810	gtt Val	ttt Phe	aca Thr	gta Val	acg Thr 6815	ggg Gly	gcg Ala	gca Ala	cca Pro	40829
act Thr 6820	cac His	gtt Val	tct Ser	aat Asn	gta Val 6825	aca Thr	gcg Ala	ttt Phe	gac Asp	ata Ile 6830	gca Ala	act Thr	acg Thr	gct Ala	40874
att Ile 6835	tta Leu	ttt Phe	ggg Gly	gct Ala	cct Pro 6840	ttg Leu	gtt Val	att Ile	gcc Ala	atg Met 6845	gaa Glu	ctt Leu	aca Thr	tcc Ser	40919
gtt Val 6850	ttt Phe	tca Ser	caa Gln	aat Asn	tcc Ser 6855	gga Gly	ctt Leu	act Thr	ttg Leu	ggg Gly 6860	tta Leu	aaa Lys	tta Leu	ttc Phe	40964
gat Asp 6865	tcc Ser	cgg Arg	cat His	atg Met	gct Ala 6870	aca Thr	gat Asp	tcg Ser	ggt Gly	ata Ile 6875	tcc Ser	tca Ser	gcc Ala	gta Val	41009
tct Ser 6880	ccc Pro	gat Asp	att Ile	gtt Val	tct Ser 6885	tgg Trp	ggg Gly	tta Leu	cgt Arg	tta Leu 6890	ctg Leu	cat His	atg Met	gat Asp	41054

cct	cac	cca	att	gaa	aat	gca	tgt	tta	att	gtc	caa	cta	gaa	aaa	41099
Pro	His	Pro	Ile	Glu	Asn	Ala	Cys	Leu	Ile	Val	Gln	Leu	Glu	Lys	
6895					6900					6905					
ctg	tcc	gcg	ctc	att	gca	aac	aaa	cct	ctt	aca	aac	aat	ccc	ccg	41144
Leu	Ser	Ala	Leu	Ile	Ala	Asn	Lys	Pro	Leu	Thr	Asn	Asn	Pro	Pro	
6910					6915					6920					
tgt	tta	ctg	cta	ttg	gac	gaa	cat	atg	aat	ccc	tct	tat	gtt	tta	41189
Cys	Leu	Leu	Leu	Leu	Asp	Glu	His	Met	Asn	Pro	Ser	Tyr	Val	Leu	
6925					6930					6935					
tgg	gaa	cga	aaa	gac	tcg	att	cca	gct	ccg	gat	tat	gtg	gtc	ttt	41234
Trp	Glu	Arg	Lys	Asp	Ser	Ile	Pro	Ala	Pro	Asp	Tyr	Val	Val	Phe	
6940					6945					6950					
tgg	ggg	cca	gaa	tct	ctt	att	gat	ttg	ccg	tac	atc	gac	tcc	gat	41279
Trp	Gly	Pro	Glu	Ser	Leu	Ile	Asp	Leu	Pro	Tyr	Ile	Asp	Ser	Asp	
6955					6960					6965					
gag	gac	tct	ttc	ccc	tcg	tgt	ccc	gat	gat	cca	ttt	tac	tcg	caa	41324
Glu	Asp	Ser	Phe	Pro	Ser	Cys	Pro	Asp	Asp	Pro	Phe	Tyr	Ser	Gln	
6970					6975					6980					
att	att	gcc	ggt	tat	gcg	ccc	caa	ggc	ccc	cca	aac	ctc	gac	aca	41369
Ile	Ile	Ala	Gly	Tyr	Ala	Pro	Gln	Gly	Pro	Pro	Asn	Leu	Asp	Thr	
6985					6990					6995					
act	gat	ttt	tac	cca	acg	gag	cca	cta	ttt	aag	tct	ccc	gtt	caa	41414
Thr	Asp	Phe	Tyr	Pro	Thr	Glu	Pro	Leu	Phe	Lys	Ser	Pro	Val	Gln	
7000					7005					7010					
gtt	gtt	aga	agt	tcc	aaa	tgt	aaa	aaa	atg	ccc	gtc	cgg	ccc	gcg	41459
Val	Val	Arg	Ser	Ser	Lys	Cys	Lys	Lys	Met	Pro	Val	Arg	Pro	Ala	
7015					7020					7025					
cag	ccc	gcg	cag	ccc	gcg	cag	ccc	gcg	cag	ccc	gcg	cag	acc	gtc	41504
Gln	Pro	Ala	Gln	Pro	Ala	Gln	Pro	Ala	Gln	Pro	Ala	Gln	Thr	Val	
7030					7035					7040					
cag	ccc	gcg	cag	ccc	ata	gaa	ccg	ggc	aca	caa	ata	gtg	gta	caa	41549
Gln	Pro	Ala	Gln	Pro	Ile	Glu	Pro	Gly	Thr	Gln	Ile	Val	Val	Gln	
7045					7050					7055					
aat	ttt	aag	aaa	ccc	caa	agc	gta	aaa	aca	acc	ctt	agc	caa	aaa	41594
Asn	Phe	Lys	Lys	Pro	Gln	Ser	Val	Lys	Thr	Thr	Leu	Ser	Gln	Lys	
7060					7065					7070					
gat	att	ccc	ttg	tat	gtg	gaa	acc	gaa	tca	gaa	acg	gct	gtg	ctt	41639

Asp 7075	Ile	Pro	Leu	Tyr	Val 7080	Glu	Thr	Glu	Ser	Glu 7085	Thr	Ala	Val	Leu	
ata	cct	aag	caa	tta	acc	acc	tcc	att	aaa	aca	acc	gtt	tgt	aaa	41684
Ile 7090	Pro	Lys	Gln	Leu	Thr 7095	Thr	Ser	Ile	Lys	Thr 7100	Thr	Val	Cys	Lys	
agt	att	acc	cca	cca	aat	aac	caa	ttg	tcg	gat	tgg	aaa	aat	aat	41729
Ser 7105	Ile	Thr	Pro	Pro	Asn 7110	Asn	Gln	Leu	Ser	Asp 7115	Trp	Lys	Asn	Asn	
cca	cag	caa	aac	caa	acg	tta	aac	caa	gcg	ttc	agt	aaa	cca	ata	41774
Pro 7120	Gln	Gln	Asn	Gln	Thr 7125	Leu	Asn	Gln	Ala	Phe 7130	Ser	Lys	Pro	Ile	
ctt	gag	att	acc	tcc	att	ccg	aca	gat	gac	tcg	ata	tct	tac	cgg	41819
Leu 7135	Glu	Ile	Thr	Ser	Ile 7140	Pro	Thr	Asp	Asp	Ser 7145	Ile	Ser	Tyr	Arg	
act	tgg	att	gaa	aaa	tca	aat	caa	aca	caa	aaa	cgg	cat	caa	aat	41864
Thr 7150	Trp	Ile	Glu	Lys	Ser 7155	Asn	Gln	Thr	Gln	Lys 7160	Arg	His	Gln	Asn	
gac	cct	cga	atg	tat	aac	tcc	aaa	aca	gta	ttc	cac	cct	gta	aat	41909
Asp 7165	Pro	Arg	Met	Tyr	Asn 7170	Ser	Lys	Thr	Val	Phe 7175	His	Pro	Val	Asn	
aac	caa	tta	cct	tct	tgg	gtt	gac	acg	gca	gcc	gat	gcc	ccc	caa	41954
Asn 7180	Gln	Leu	Pro	Ser	Trp 7185	Val	Asp	Thr	Ala	Ala 7190	Asp	Ala	Pro	Gln	
acg	gac	cta	ttg	aca	aac	tat	aaa	aca	aga	cag	ccg	tcg	cca	aac	41999
Thr 7195	Asp	Leu	Leu	Thr	Asn 7200	Tyr	Lys	Thr	Arg	Gln 7205	Pro	Ser	Pro	Asn	
ttt	ccg	cgg	gac	gta	cac	aca	tgg	ggc	gta	tct	tct	aac	ccg	ttt	42044
Phe 7210	Pro	Arg	Asp	Val	His 7215	Thr	Trp	Gly	Val	Ser 7220	Ser	Asn	Pro	Phe	
aac	tca	ccg	aac	aga	gac	cta	tat	caa	agt	gat	ttt	agt	gaa	cct	42089
Asn 7225	Ser	Pro	Asn	Arg	Asp 7230	Leu	Tyr	Gln	Ser	Asp 7235	Phe	Ser	Glu	Pro	
tct	gac	ggc	tat	agc	agt	gag	agt	gaa	aat	tct	atc	gta	cta	agt	42134
Ser 7240	Asp	Gly	Tyr	Ser	Ser 7245	Glu	Ser	Glu	Asn	Ser 7250	Ile	Val	Leu	Ser	
ctc	gac	gaa	cat	cgg	tca	tgt	cgc	gtt	cct	agg	cac	gta	cgc	gtt	42179
Leu 7255	Asp	Glu	His	Arg	Ser 7260	Cys	Arg	Val	Pro	Arg 7265	His	Val	Arg	Val	



gtt aat gcc gat gta gtc acc ggt cga cgt tat gtc cga ggg acc 42224  
 Val Asn Ala Asp Val Val Thr Gly Arg Arg Tyr Val Arg Gly Thr  
 7270 7275 7280

gcc ttg gga gca ctg gca ctg tta agc cag gca tgt cgg cgt atg 42269  
 Ala Leu Gly Ala Leu Ala Leu Leu Ser Gln Ala Cys Arg Arg Met  
 7285 7290 7295

atc gac aac gtt aga tat aca cgt aaa ctt tta atg gac cac acg 42314  
 Ile Asp Asn Val Arg Tyr Thr Arg Lys Leu Leu Met Asp His Thr  
 7300 7305 7310

gaa gat ata ttt caa ggc ctg ggg tat gtt aaa ttg tta tta gat 42359  
 Glu Asp Ile Phe Gln Gly Leu Gly Tyr Val Lys Leu Leu Leu Asp  
 7315 7320 7325

gga aca tat ata taa agtagcgcct attaaagaaa aaaaaaaaaac aacgattatt 42414  
 Gly Thr Tyr Ile  
 7330

ttctgtgtat ttttatttac accctacgac ttcttgaagc gtttccagat tgtcccgtgt 42474

gtgacaaggt ctgtccctta cccccctggg gggtattttg gggtgggggc ggggtagact 42534

gtggcacgcc ttgggccgcg ggcggtgatc cggttgttgg ctggacagtg cttgactgtg 42594

ctccctgttg cggttgttgt ccagaagacc ccgacaccac gtgttgctgt tgtccaacgg 42654

atgccgacgt cgtttgaggt ggggggtgtt gcggggatga tcccgaatac gccaacgcgg 42714

cgggctgttg taaagcagac tgatcggcgc tctgtgtttt ttgcggcaat atagtaggcc 42774

ccgagattcc caaactcatg gatggatttg ggggttgttg tcgtataata cgcgggttaa 42834

acgtacgttt taagccaacc gttggtctta accatgtcat agggtcagtc tcggcaaaca 42894

tggccgttcg gcgtatcgt tttgcattat ggtagcgcg tgcacgcgcg gcactggccg 42954

cggctccac ggtgtaaatg cttctggcat cagcgtatgc cacacggtga ccaggttgca 43014

aaggtccact ggcgtttaaa agtcgtatta aagcaacggg ggtgtaagcc gcaattgctt 43074

ccaccgaaaa tgtggtgggg ttgctgggat caaagactac acgagacgat gcgggttgtg 43134

tcacgttta ttagtttacg ggacaatcga taacagcata cacgtacatc tgcgcaggat 43194

atgtacggaa aggcaattta tttccagaaa agcaccgccc ctaatacaac taccagtaca 43254

attacaatga acagggcata tgtcacgtta gctacgggta gagcaagttt ccagacacgc 43314

gtagtttggg tatcgggtaa cgcaggttta atgtcacttt gcatttgaac agacgtgttt 43374  
 ggacttccgt tctcgggtgg ggatctgaat gaaggccgcc agcgtatata ttcatccaaa 43434  
 ttattgccag tttccttata catgtatgca tccgtggcgc gggccataag tttaatgggtg 43494  
 cgagatggat cttccgggtcc cataaaacga aaggataact gaacatatgg cattcgcaca 43554  
 aagcagttca cccacattaa agcctggaga ggtcggcgggt caatacccc accctgttta 43614  
 attgattcca aagcagatag gttgataccg gtacttaacg ttgaactaag aatcacgtta 43674  
 ttactgtcaa tggacacttc agccactgggt gcgttagtcg gacgaaaaaa aaaaccttga 43734  
 aatagcacag acacccccgt attttgaatt tttatgtaag ggtcacaatc tacttgcgcc 43794  
 caattcgcca ttaaacgcat aatatactct accggaaagg cttcggatac gttgtcttcg 43854  
 ccgttaaact gaaaaacaca acgggcgggg gggcgttgtg gatcaaatat tggaagatcc 43914  
 ccatcgcaac attgaagagc gcttggtacc accaaccgaa tacgttgtaa aagattatct 43974  
 ccgaacccc tcctgcgttc actccgtaca tacgttctcc gtgacatatt gatctaaggt 44034  
 tgcaaaccaa ggcacacgcg tgaagtatit agaccattta tcgtgggata taggaggagt 44094  
 ttggagtgat ccaccccctg acgacttatt aatgcgttta ttttccccat gtattaagca 44154  
 tccttcaata tttcatgcaa atctagaaat ttggccatga ctcccgcaaa gcgttcacgg 44214  
 cgacgggtca cgctggcact atgttcacat ggaacaacat aagcagattt ttctgaatcg 44274  
 ttactttctt tatgttttaa aacggacgcc aggcgactgg taaatgatat ataatttaat 44334  
 tgagcgtcag ttgtaggtag aattgcttct atttccgggg gaattaaatt ttcaaaccaa 44394  
 acggaaagag taaaggtgct atcagcagga aaatactttg actccagtgc atcgatatit 44454  
 aatagattaa catcgggtgtc tgtaattaaa tcgcggggccc tcatcccaga g atg gat 44511  
 Met Asp  
 7335

cgg gta gaa tca gaa gaa ccc atg gat gga ttc gaa tcg ccc gta 44556  
 Arg Val Glu Ser Glu Glu Pro Met Asp Gly Phe Glu Ser Pro Val  
 7340 7345 7350

ttc tcc gaa aat aca tct tct aat tcc gga tgg tgt tcc gac gca 44601  
 Phe Ser Glu Asn Thr Ser Ser Asn Ser Gly Trp Cys Ser Asp Ala  
 7355 7360 7365

ttt tcc gat tcg tac atc gct tat aat cca gcc ctt ctg cta aaa	44646
Phe Ser Asp Ser Tyr Ile Ala Tyr Asn Pro Ala Leu Leu Leu Lys	
7370 7375 7380	
aac gat ttg tta ttt tca gaa ttg tta ttt gcc tcc cac tta ata	44691
Asn Asp Leu Leu Phe Ser Glu Leu Leu Phe Ala Ser His Leu Ile	
7385 7390 7395	
aat gtt ccc cgt gca ata gaa aac aac gtc act tat gag gcc tct	44736
Asn Val Pro Arg Ala Ile Glu Asn Asn Val Thr Tyr Glu Ala Ser	
7400 7405 7410	
tcg gcg gta ggt gtg gat aat gaa atg acc tca agt acc act gaa	44781
Ser Ala Val Gly Val Asp Asn Glu Met Thr Ser Ser Thr Thr Glu	
7415 7420 7425	
ttt ata gaa gaa att gga gac gtt ttg gcg tta gac aga gcc tgt	44826
Phe Ile Glu Glu Ile Gly Asp Val Leu Ala Leu Asp Arg Ala Cys	
7430 7435 7440	
ttg gtc tgc aga acg ctt gat ttg tat aaa cgt aaa ttt gga ctg	44871
Leu Val Cys Arg Thr Leu Asp Leu Tyr Lys Arg Lys Phe Gly Leu	
7445 7450 7455	
aca ccg gaa tgg gtt gcg gac tac gcc atg tta tgt atg aaa agt	44916
Thr Pro Glu Trp Val Ala Asp Tyr Ala Met Leu Cys Met Lys Ser	
7460 7465 7470	
ctg gca tcc ccg ccc tgt gca gtt gtc act ttt agc gct gcc ttt	44961
Leu Ala Ser Pro Pro Cys Ala Val Val Thr Phe Ser Ala Ala Phe	
7475 7480 7485	
gaa ttt gtg tat ctt atg gat cgt tac tac ctg tgc cgt tat aac	45006
Glu Phe Val Tyr Leu Met Asp Arg Tyr Tyr Leu Cys Arg Tyr Asn	
7490 7495 7500	
gtt act ttg gtt ggg tcc ttt gcc agg cgc acg ctt tcc ctg tta	45051
Val Thr Leu Val Gly Ser Phe Ala Arg Arg Thr Leu Ser Leu Leu	
7505 7510 7515	
gat ata caa aga cat ttt ttt ttg cat gta tgt ttt cgt acc gat	45096
Asp Ile Gln Arg His Phe Phe Leu His Val Cys Phe Arg Thr Asp	
7520 7525 7530	
gga ggg tta cca ggt ata cga ccg ccc ccc ggt aag gaa atg gcc	45141
Gly Gly Leu Pro Gly Ile Arg Pro Pro Pro Gly Lys Glu Met Ala	
7535 7540 7545	
aac aaa gta aga tat tcc aat tac tcc ttt ttt gta cag gcg gta	45186

Asn	Lys	Val	Arg	Tyr	Ser	Asn	Tyr	Ser	Phe	Phe	Val	Gln	Ala	Val	
				7550					7555					7560	
gtt	agg	gct	gca	tta	cta	tcg	atc	agc	acg	tct	cgt	tta	gac	gaa	45231
Val	Arg	Ala	Ala	Leu	Leu	Ser	Ile	Ser	Thr	Ser	Arg	Leu	Asp	Glu	
				7565					7570					7575	
acc	gaa	acg	cgt	aag	tca	ttt	tac	ttt	aat	cag	gac	gga	ctg	act	45276
Thr	Glu	Thr	Arg	Lys	Ser	Phe	Tyr	Phe	Asn	Gln	Asp	Gly	Leu	Thr	
				7580					7585					7590	
gga	ggc	cct	caa	cct	tta	gcg	gcc	gcc	ttg	gct	aat	tgg	aaa	gat	45321
Gly	Gly	Pro	Gln	Pro	Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Asn	Trp	Lys	Asp	
				7595					7600					7605	
tgc	gcg	cgg	atg	gtt	gac	tgt	tca	tca	tcg	gaa	cat	cgc	aca	agt	45366
Cys	Ala	Arg	Met	Val	Asp	Cys	Ser	Ser	Ser	Glu	His	Arg	Thr	Ser	
				7610					7615					7620	
ggg	atg	att	acc	tgc	gcg	gaa	cgt	gca	tta	aaa	gag	gat	ata	gag	45411
Gly	Met	Ile	Thr	Cys	Ala	Glu	Arg	Ala	Leu	Lys	Glu	Asp	Ile	Glu	
				7625					7630					7635	
ttt	gaa	gat	ata	tta	ata	gac	aaa	ctt	aaa	aaa	tcg	tct	tac	gta	45456
Phe	Glu	Asp	Ile	Leu	Ile	Asp	Lys	Leu	Lys	Lys	Ser	Ser	Tyr	Val	
				7640					7645					7650	
gaa	gca	gct	tgg	ggt	tac	gca	gac	ttg	gct	tta	tta	tta	ctg	agt	45501
Glu	Ala	Ala	Trp	Gly	Tyr	Ala	Asp	Leu	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Ser	
				7655					7660					7665	
ggg	gtt	gct	act	tgg	aat	gta	gac	gag	cgt	aca	aat	tgt	gct	ata	45546
Gly	Val	Ala	Thr	Trp	Asn	Val	Asp	Glu	Arg	Thr	Asn	Cys	Ala	Ile	
				7670					7675					7680	
gaa	act	cgc	gtt	gga	tgt	gtt	aaa	tca	tac	tgg	cag	gcg	aac	cgg	45591
Glu	Thr	Arg	Val	Gly	Cys	Val	Lys	Ser	Tyr	Trp	Gln	Ala	Asn	Arg	
				7685					7690					7695	
att	gaa	aac	tcc	agg	gac	gtt	cca	aaa	caa	ttt	tcc	aaa	ttt	acg	45636
Ile	Glu	Asn	Ser	Arg	Asp	Val	Pro	Lys	Gln	Phe	Ser	Lys	Phe	Thr	
				7700					7705					7710	
agc	gag	gat	gcc	tgt	ccc	gaa	gta	gca	ttt	ggg	cct	att	ttg	tta	45681
Ser	Glu	Asp	Ala	Cys	Pro	Glu	Val	Ala	Phe	Gly	Pro	Ile	Leu	Leu	
				7715					7720					7725	
act	acc	tta	aaa	aac	gca	aag	tgc	cgt	ggt	cgc	acg	aat	acc	gaa	45726
Thr	Thr	Leu	Lys	Asn	Ala	Lys	Cys	Arg	Gly	Arg	Thr	Asn	Thr	Glu	
				7730					7735					7740	



tgc atg tta tgt tgt tta tta acc ata ggg cac tat tgg atc gct 45771  
 Cys Met Leu Cys Cys Leu Leu Thr Ile Gly His Tyr Trp Ile Ala  
 7745 7750 7755

ttg cgg cag ttt aaa agg gat ata tta gca tac tca gca aat aac 45816  
 Leu Arg Gln Phe Lys Arg Asp Ile Leu Ala Tyr Ser Ala Asn Asn  
 7760 7765 7770

aca agt tta ttt gac tgt atc gaa cct gta atc aat gca tgg agc 45861  
 Thr Ser Leu Phe Asp Cys Ile Glu Pro Val Ile Asn Ala Trp Ser  
 7775 7780 7785

cta gat aac ccc att aaa ctt aaa ttt cca ttt aat gat gag ggt 45906  
 Leu Asp Asn Pro Ile Lys Leu Lys Phe Pro Phe Asn Asp Glu Gly  
 7790 7795 7800

cga ttc ata acc att gta aaa gca gca ggt tcc gag gcc gta tat 45951  
 Arg Phe Ile Thr Ile Val Lys Ala Ala Gly Ser Glu Ala Val Tyr  
 7805 7810 7815

aaa cat tta ttt tgc gat ctc cta tgc gct ctc tcg gaa tta cag 45996  
 Lys His Leu Phe Cys Asp Leu Leu Cys Ala Leu Ser Glu Leu Gln  
 7820 7825 7830

aca aac cct aaa att tta ttt gcc cat cct aca acc gcg gat aag 46041  
 Thr Asn Pro Lys Ile Leu Phe Ala His Pro Thr Thr Ala Asp Lys  
 7835 7840 7845

gaa gtg ttg gag tta tat aaa gcc caa ctg gct gca caa aac aga 46086  
 Glu Val Leu Glu Leu Tyr Lys Ala Gln Leu Ala Ala Gln Asn Arg  
 7850 7855 7860

ttt gaa ggt cgt gta tgt gct ggc ctg tgg aca ttg gcg tat gca 46131  
 Phe Glu Gly Arg Val Cys Ala Gly Leu Trp Thr Leu Ala Tyr Ala  
 7865 7870 7875

ttt aaa gcc tac cag att ttt cca cgc aaa cca acc gcc aat gcc 46176  
 Phe Lys Ala Tyr Gln Ile Phe Pro Arg Lys Pro Thr Ala Asn Ala  
 7880 7885 7890

gca ttc ata cga gat gga gga ctt atg ctt cga cga cat gca ata 46221  
 Ala Phe Ile Arg Asp Gly Gly Leu Met Leu Arg Arg His Ala Ile  
 7895 7900 7905

tcg ctg gtc tcc ctc gaa cac acc cta tcg aag tat gtc tag 46263  
 Ser Leu Val Ser Leu Glu His Thr Leu Ser Lys Tyr Val  
 7910 7915

gcgatataaa tccgtatctc ggagcgggcc ttcgatgcgt gtacgctcca gaacgccatg 46323

ccgccgtcaa accattcgag gaaaacttat gtcaaaggag cggctctgtgt accgccatta 46383  
ttttaattac atcgcaaggt cccccccaga agaactagct accgttagag gcttaatcgt 46443  
gcccaattatt aagacgaccc ctgtcacccct tccgtttaac ttgggtcaga cagtggcgga 46503  
taactgcctg tcgttatccg gaatgggtta tcatttaggt ctcggagggtt attgtccgac 46563  
atgcactgca tctggagaac cgcgtctatg tcgaaccgat cgggcggctc tgatactagc 46623  
atatgttcag cagcttaaca acatatacga atatcgtgtg tttcttgcac ccattttggc 46683  
gctatcagac cgagccaaca tgcaagcagc gtccgctgaa cccctattgt cgagcgtatt 46743  
ggcacaaccg gaattatfff ttatgtatca tattatgagg gaggggggca tgcgagatat 46803  
acgcgtactt ttttatcgtg atggagatgc cggagggttt atgatgtatg ttatatattcc 46863  
ggggaaatct gttcacctcc attacagact aatcgatcat atacaggccg cgtgtcgggg 46923  
gtataaaata gtcgcacacg tttggcagac aacattttta ctgtcgggtat gtcgcaaccc 46983  
agaacaacaa acagagactg tgggtgccatc cattggaaca tcggacgttt actgtaaaat 47043  
gtgtgacctt aactttgatg gagaattgct tttggaatac aaaagactct acgcattatt 47103  
tgatgacttt gttcctcctc ggtgatttca gcttcagtgt tcattttatt atcccagcac 47163  
ggggcgtgta tacaacaaaa gcctgccgcc tgcaagcggc ttagcatttt aacgttaaca 47223  
actcgtgtct ctggaataaa acgtttttaa agccgttctg tgagtttagt gtcgtttcca 47283  
aataacgcct taaaagttac actcgccgtc ccaatgagat gagaaaaata atagtcaatg 47343  
tttaaagaca gcccggtgta tgttacgtga atgggatctt ccgctaagtc agatattatt 47403  
aacttacgct ttgcttcccc acaccgttta cctgcgggtat tctgtaaagg atctccacgt 47463  
agcaaagcta cactttttgc atcagcctcc acttcgtctg tggggggccac aataacataa 47523  
gggatgcgtt ctcgaacgtt tgggatttga ccctgtctca ttactaattt ataataact 47583  
gttaagttag ccaagcgacg gtttatgtag gcggatgggt gacgactaag ctcggccgtc 47643  
ataacaaact tattaatata caatttgggt gatgtaatct ggcatgtgc atctgcaatt 47703  
atgcgtccaa acccgcccat ccagacggc atggcccgtc tattccattc agcaatggaa 47763  
acacacgacg cctccgccgc agcacgcgag acggtgtcgt catataacaa cagttctaca 47823

agtttgcggg cataatcggt aataaattga cagttgtttt ttctaaccac gtcgactccc 47883  
ttcattaaaa cctttccgcc gtaaattacc ccaatgtact ttttctttgt tataagcaaa 47943  
agttttataa aagttttttc acactccaac tttataggag gacaaaacag agccgttgaa 48003  
attatatgtg ccattttctc gccgatttta gctatcccct caacactaac acccttgaat 48063  
cggataaaca cagaatccgt atctccatat ataaccttta cctcgtacgc tttttgggag 48123  
agaacgctac tttcaatgtc tggaaacgct gtaataaaac gttcaaagtc ggcccagtta 48183  
ttatgaatat aatctctggt acttaataac atttgacggc caattgtagt gacagtggcc 48243  
gctacgtata aacatggcag aaatccctgc gcaactccag taaaaccgta cacggaatta 48303  
caaactactt ttatcgcggc ttgttggttg tctaataaca ctgcttcac tgaagaactt 48363  
ccgggtatgc gcgctctaag agccttgccg atagccaacc agtcttttaa aagaacaccc 48423  
agcagacttt ctcgaacgtt agagcgcaca aaaaaagac gttttcctcc aactgtaaag 48483  
gtggcataat cggatggatt caaacgttta accgtctcaa aatttaacgt tagcgtggta 48543  
aaacataagt tatgggcctg aattataact ggatataaac ttgcaaaatc caatacgacc 48603  
accggatcga tataaaatcc cgtatcaggg tcaaaaaccc tggctccttt atatcctaca 48663  
tttcgcccac ttgacgtacc agtgggagaa acgctctcgt cttcatccat ctcttcctca 48723  
acatccccga catcggaat aacatcctta tattcaaaag tagctgggta tccccatcg 48783  
ggtaaaataa atcctcgaga cgaagccagt cctaataaac aggtgtaaag cctaacctgc 48843  
tgtccgtcgt aaatagcctt ggttaaagta attctagcta gccttgcaac cgcggataac 48903  
tcaaggtgtg gtaaataattt aaaaaacagt ttccccacaa gagccgagtc ttgtatacaa 48963  
tattcaccaa taattcctcg tgtattcggg ccactagcgt aatatcccgg aatgtctttg 49023  
tagggcaaat ctctcttgga ctcatctaga gcttcacgtg caaccgaatc taatttataa 49083  
ctcgagagtt ttaatttttc agttgcaatt gcatacatat ccagagatat gagaccgttg 49143  
atctttacct tgcttcgtcg ctgaaatccg gatttgccaa catcccatat cttaaacaga 49203  
ccccacggg ttatactgcc ataaccatca agcttgagac tgtatataga attaagtttc 49263  
tccataataa acgccaatc aaaattaaca atgttataac ctgtggcaaa ctcgggagcg 49323

tactgtttta cgagggtcat aaatgcaatt aatagctcga attcactatc aaactccagc 49383  
acagtcggct ccggtaaccc cgcgtccttc atttcttgta catacctttg tggtaagtca 49443  
caagagccaa gggaaaacag taaaatgtgt tctaaagact gtcgagggat tgaatataat 49503  
agacaagaaa tttggattac aagatcctcc agatgtgttg catcgggaaa cgccagctca 49563  
ttagatcctc ctgatttaca ttcaatatcg aaacataaca acttgtagtc aggccatgag 49623  
tcatcgtttg gtatagcctg cagattatcc gacatgcagt caatttcaac gtcgcttaac 49683  
gttaattggc gacttgccgg tcgaactcga acacgttccc catcaactcc aggttttagt 49743  
tgataccaac caaaactaac aaagccggga ttatccatta gaaaacgagt ggtagcgtct 49803  
acccgacctt catacttttt caactccggg tgaaagttat cacaagata atttgtaaatt 49863  
ttagatgagg gagaatacac cctgtaaaac gcacatggct gtgtatcgta gtaataaaca 49923  
tctgtgcgct caataacctc aacgcgaaag ctttctggag atgcgctttt aaacgaggta 49983  
ccatgaaaag cgttcttgtc tccatttaac gttgcatcat tttgtgttat catagaactg 50043  
cgtaaactc cggcaagtaa tacagataac tcgctaccgg aacgtatgcc acaagcggta 50103  
tccacctcgg ctttgtttat ataaaaatat tgacagatgc cgtatacatg aactgccacc 50163  
ctttttccac atcgggacat gccaagtaaa gtaataacgg taccaagcgg tcgtgttgca 50223  
gttgcaaacc gggatacatc tccattagac gcggcttctg ttgtttcgac aatatcatat 50283  
acatggaatg tgttaaagcg ggggtcaaac ttatccccac gaaagtcgat ttcccccaa 50343  
atattcacgc gtctaggcca ggggctggaa caacgaaaat ccagaatcgg aacttctttt 50403  
ccattacagt aaactttagg cggtcgacta agtgtaccga cgtgaacccc ctttcgttct 50463  
tccatgggca catcttcac taaacattta ggggccaaaa attgaaacga tgacatggta 50523  
gttttgtaac tatgaagaaa ttctctgtta ctaccgcgcc cggttcttgg gttatattta 50583  
atccctgatg cttgggttaa aaagggatta caaaaccccg ttctgatcgc cattttatgt 50643  
taacgattga taatcttgta aaaagccagt gttactgagt aacacaaccc cacgcccttc 50703  
taatacataa agtgtaatca cgtgatttgt tgtggtttcc gcatatgtaa taccggttta 50763  
aaagcctctc ttcttaattgt atcgacagac tgggttttgg gtgggtcattt gaccctgcca 50823



acaaccccc attattacga gtacttcacc aaa atg gaa aat act cag aag 50874  
 Met Glu Asn Thr Gln Lys  
 7920

act gtg aca gtg ccc acg ggg ccc ctg ggt tac gtt tat gcg tgc 50919  
 Thr Val Thr Val Pro Thr Gly Pro Leu Gly Tyr Val Tyr Ala Cys  
 7925 7930 7935

cgg gtt gaa gat ttg gat ctg gag gaa att tca ttt ttg gcc gct 50964  
 Arg Val Glu Asp Leu Asp Leu Glu Glu Ile Ser Phe Leu Ala Ala  
 7940 7945 7950

cgt agc acg gac tct gat ttg gct tta tta cct ttg atg cgt aat 51009  
 Arg Ser Thr Asp Ser Asp Leu Ala Leu Leu Pro Leu Met Arg Asn  
 7955 7960 7965

ttg acc gtg gaa aaa act ttt aca tcc agc ctg gcg gtg gtt tct 51054  
 Leu Thr Val Glu Lys Thr Phe Thr Ser Ser Leu Ala Val Val Ser  
 7970 7975 7980

gga gca cgc act acg ggt ctt gcc gga gct ggt att acc tta aaa 51099  
 Gly Ala Arg Thr Thr Gly Leu Ala Gly Ala Gly Ile Thr Leu Lys  
 7985 7990 7995

ctc act acc agt cat ttc tat cca tct gtc ttt gtc ttt cac gga 51144  
 Leu Thr Thr Ser His Phe Tyr Pro Ser Val Phe Val Phe His Gly  
 8000 8005 8010

ggc aaa cac gtt tta ccc agc tcc gcg gcc cca aat ctc aca cgc 51189  
 Gly Lys His Val Leu Pro Ser Ser Ala Ala Pro Asn Leu Thr Arg  
 8015 8020 8025

gcg tgt aac gcg gct cga gaa cgg ttt ggg ttt tca cgc tgc caa 51234  
 Ala Cys Asn Ala Ala Arg Glu Arg Phe Gly Phe Ser Arg Cys Gln  
 8030 8035 8040

ggg cct cct gtt gac ggt gct gtt gag acg acc ggc gct gag ata 51279  
 Gly Pro Pro Val Asp Gly Ala Val Glu Thr Thr Gly Ala Glu Ile  
 8045 8050 8055

tgc acc cgc ctt gga tta gag cca gaa aat aca ata tta tac ttg 51324  
 Cys Thr Arg Leu Gly Leu Glu Pro Glu Asn Thr Ile Leu Tyr Leu  
 8060 8065 8070

gtg gtc acg gca ttg ttt aag gaa gcc gta ttt atg tgc aac gtg 51369  
 Val Val Thr Ala Leu Phe Lys Glu Ala Val Phe Met Cys Asn Val  
 8075 8080 8085

ttt ctg cat tat gga gga ctc gat att gtt cat att aac cat ggg 51414

Phe 8090	Leu	His	Tyr	Gly	Gly 8095	Leu	Asp	Ile	Val	His 8100	Ile	Asn	His	Gly	
gat 8105	gtt	ata	cgt	ata	ccg 8110	tta	ttt	ccg	gta	caa 8115	ctt	ttc	atg	ccc	51459
Asp	Val	Ile	Arg	Ile	Pro	Leu	Phe	Pro	Val	Gln	Leu	Phe	Met	Pro	
gat 8120	gtt	aac	cgt	ctg	gta 8125	ccc	gac	cca	ttc	aac 8130	act	cat	cac	agg	51504
Asp	Val	Asn	Arg	Leu	Val	Pro	Asp	Pro	Phe	Asn	Thr	His	His	Arg	
tct 8135	atc	gga	gag	ggt	ttt 8140	gta	tac	cca	aca	ccc 8145	ttt	tat	aac	acc	51549
Ser	Ile	Gly	Glu	Gly	Phe	Val	Tyr	Pro	Thr	Pro	Phe	Tyr	Asn	Thr	
ggg 8150	ttg	tgc	cat	tta	ata 8155	cat	gac	tgt	gtt	att 8160	gct	ccc	atg	gcc	51594
Gly	Leu	Cys	His	Leu	Ile	His	Asp	Cys	Val	Ile	Ala	Pro	Met	Ala	
gtt 8165	gcc	ttg	cgc	gtc	aga 8170	aat	gta	act	gcc	gtc 8175	gcc	cga	gga	gcg	51639
Val	Ala	Leu	Arg	Val	Arg	Asn	Val	Thr	Ala	Val	Ala	Arg	Gly	Ala	
gcc 8180	cac	ctt	gct	ttt	gat 8185	gaa	aat	cac	gag	ggg 8190	gca	gta	ctc	ccc	51684
Ala	His	Leu	Ala	Phe	Asp	Glu	Asn	His	Glu	Gly	Ala	Val	Leu	Pro	
cct 8195	gac	att	acg	tac	acg 8200	tat	ttt	cag	tcc	tct 8205	tca	agt	gga	acc	51729
Pro	Asp	Ile	Thr	Tyr	Thr	Tyr	Phe	Gln	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	
act 8210	acc	gcc	cgt	gga	gcg 8215	cgt	cga	aac	gat	gtc 8220	aac	tcc	acg	tct	51774
Thr	Thr	Ala	Arg	Gly	Ala	Arg	Arg	Asn	Asp	Val	Asn	Ser	Thr	Ser	
aag 8225	cct	agc	cca	tcg	ggg 8230	ggg	ttt	gaa	aga	cgg 8235	ttg	gcg	tct	att	51819
Lys	Pro	Ser	Pro	Ser	Gly	Gly	Phe	Glu	Arg	Arg	Leu	Ala	Ser	Ile	
atg 8240	gcc	gct	gac	aca	gcc 8245	ttg	cac	gca	gaa	gtt 8250	ata	ttc	aac	act	51864
Met	Ala	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	His	Ala	Glu	Val	Ile	Phe	Asn	Thr	
gga 8255	att	tac	gaa	gaa	act 8260	cca	aca	gat	atc	aaa 8265	gaa	tgg	cca	atg	51909
Gly	Ile	Tyr	Glu	Glu	Thr	Pro	Thr	Asp	Ile	Lys	Glu	Trp	Pro	Met	
ttt 8270	ata	ggc	atg	gag	ggc 8275	act	ttg	cca	agg	cta 8280	aac	gct	ctg	ggg	51954
Phe	Ile	Gly	Met	Glu	Gly	Thr	Leu	Pro	Arg	Leu	Asn	Ala	Leu	Gly	

tca	tat	acc	gct	cgt	gtg	gcc	ggg	gtc	att	ggt	gcg	atg	gtt	ttc	51999
Ser	Tyr	Thr	Ala	Arg	Val	Ala	Gly	Val	Ile	Gly	Ala	Met	Val	Phe	
8285					8290					8295					
agc	cca	aat	tct	gcg	ttg	tat	cta	act	gag	gtg	gag	gat	agc	ggg	52044
Ser	Pro	Asn	Ser	Ala	Leu	Tyr	Leu	Thr	Glu	Val	Glu	Asp	Ser	Gly	
8300					8305					8310					
atg	acc	gaa	gcc	aag	gat	ggg	gga	ccg	ggt	cca	tca	ttt	aat	cga	52089
Met	Thr	Glu	Ala	Lys	Asp	Gly	Gly	Pro	Gly	Pro	Ser	Phe	Asn	Arg	
8315					8320					8325					
ttt	tac	cag	ttt	gcc	gga	cct	cat	tta	gct	gcg	aat	ccc	caa	aca	52134
Phe	Tyr	Gln	Phe	Ala	Gly	Pro	His	Leu	Ala	Ala	Asn	Pro	Gln	Thr	
8330					8335					8340					
gat	cga	gat	ggc	cac	gtt	cta	tcc	agt	cag	tct	acg	ggt	tca	tca	52179
Asp	Arg	Asp	Gly	His	Val	Leu	Ser	Ser	Gln	Ser	Thr	Gly	Ser	Ser	
8345					8350					8355					
aac	aca	gag	ttt	agc	gtg	gat	tat	ttg	gca	ctc	att	tgt	gga	ttt	52224
Asn	Thr	Glu	Phe	Ser	Val	Asp	Tyr	Leu	Ala	Leu	Ile	Cys	Gly	Phe	
8360					8365					8370					
gga	gca	ccc	ctg	ttg	gcg	cga	ctg	ctt	ttt	tat	cta	gaa	cgc	tgt	52269
Gly	Ala	Pro	Leu	Leu	Ala	Arg	Leu	Leu	Phe	Tyr	Leu	Glu	Arg	Cys	
8375					8380					8385					
gac	gct	ggt	gcg	ttt	aca	ggg	ggt	cac	ggg	gat	gcg	tta	aaa	tat	52314
Asp	Ala	Gly	Ala	Phe	Thr	Gly	Gly	His	Gly	Asp	Ala	Leu	Lys	Tyr	
8390					8395					8400					
gtt	acg	ggg	acc	ttt	gac	tct	gaa	att	cca	tgt	agt	tta	tgt	gaa	52359
Val	Thr	Gly	Thr	Phe	Asp	Ser	Glu	Ile	Pro	Cys	Ser	Leu	Cys	Glu	
8405					8410					8415					
aaa	cac	acg	cgg	ccg	gta	tgc	gct	cac	aca	aca	gta	cac	cga	ctt	52404
Lys	His	Thr	Arg	Pro	Val	Cys	Ala	His	Thr	Thr	Val	His	Arg	Leu	
8420					8425					8430					
aga	caa	cgc	atg	ccg	cga	ttt	gga	caa	gcc	acc	cgt	caa	cct	att	52449
Arg	Gln	Arg	Met	Pro	Arg	Phe	Gly	Gln	Ala	Thr	Arg	Gln	Pro	Ile	
8435					8440					8445					
ggg	gtg	ttt	gga	aca	atg	aac	agc	caa	tat	agc	gac	tgc	gat	cct	52494
Gly	Val	Phe	Gly	Thr	Met	Asn	Ser	Gln	Tyr	Ser	Asp	Cys	Asp	Pro	
8450					8455					8460					
cta	gga	aac	tat	gct	cca	tat	tta	atc	ctt	cga	aaa	ccc	ggg	gat	52539

Leu 8465	Gly	Asn	Tyr	Ala	Pro 8470	Tyr	Leu	Ile	Leu	Arg 8475	Lys	Pro	Gly	Asp	
caa	acg	gaa	gca	gca	aag	gca	acc	atg	cag	gac	act	tat	agg	gct	52584
Gln 8480	Thr	Glu	Ala	Ala	Lys 8485	Ala	Thr	Met	Gln	Asp 8490	Thr	Tyr	Arg	Ala	
aca	cta	gaa	cgc	ttg	ttt	atc	gat	cta	gaa	caa	gag	cga	cta	ctg	52629
Thr 8495	Leu	Glu	Arg	Leu	Phe 8500	Ile	Asp	Leu	Glu	Gln 8505	Glu	Arg	Leu	Leu	
gat	cgc	ggt	gcc	cca	tgt	tct	tcc	gag	gga	cta	tcg	tct	gtc	att	52674
Asp 8510	Arg	Gly	Ala	Pro	Cys 8515	Ser	Ser	Glu	Gly	Leu 8520	Ser	Ser	Val	Ile	
gtg	gat	cat	cca	acg	ttt	cgt	cgc	ata	tta	gac	aca	ctg	cgt	gcg	52719
Val 8525	Asp	His	Pro	Thr	Phe 8530	Arg	Arg	Ile	Leu	Asp 8535	Thr	Leu	Arg	Ala	
cgt	ata	gaa	cag	aca	aca	aca	caa	ttt	atg	aaa	gtg	ttg	gtt	gag	52764
Arg 8540	Ile	Glu	Gln	Thr	Thr 8545	Thr	Gln	Phe	Met	Lys 8550	Val	Leu	Val	Glu	
acc	cgc	gat	tat	aag	atc	cgt	gaa	gga	tta	tcc	gaa	gcc	acc	cat	52809
Thr 8555	Arg	Asp	Tyr	Lys	Ile 8560	Arg	Glu	Gly	Leu	Ser 8565	Glu	Ala	Thr	His	
tca	atg	gcg	tta	acg	ttt	gat	cca	tac	tca	gga	gca	ttt	tgt	ccc	52854
Ser 8570	Met	Ala	Leu	Thr	Phe 8575	Asp	Pro	Tyr	Ser	Gly 8580	Ala	Phe	Cys	Pro	
att	acc	aat	ttt	tta	gtt	aaa	cga	aca	cac	cta	gcc	gtg	gta	caa	52899
Ile 8585	Thr	Asn	Phe	Leu	Val 8590	Lys	Arg	Thr	His	Leu 8595	Ala	Val	Val	Gln	
gac	tta	gca	tta	agc	caa	tgt	cat	tgt	gta	ttt	tac	gga	cag	caa	52944
Asp 8600	Leu	Ala	Leu	Ser	Gln 8605	Cys	His	Cys	Val	Phe 8610	Tyr	Gly	Gln	Gln	
gtt	gag	ggg	cgg	aac	ttt	cgt	aac	caa	ttc	caa	cct	gtt	ttg	cgg	52989
Val 8615	Glu	Gly	Arg	Asn	Phe 8620	Arg	Asn	Gln	Phe	Gln 8625	Pro	Val	Leu	Arg	
cgg	cgt	ttt	gtt	gac	ctg	ttt	aat	ggg	ggg	ttt	ata	tca	aca	cgc	53034
Arg 8630	Arg	Phe	Val	Asp	Leu 8635	Phe	Asn	Gly	Gly	Phe 8640	Ile	Ser	Thr	Arg	
tct	ata	acc	gta	aca	tta	tct	gaa	ggt	cct	gta	tcc	gcc	cca	aat	53079
Ser 8645	Ile	Thr	Val	Thr	Leu 8650	Ser	Glu	Gly	Pro	Val 8655	Ser	Ala	Pro	Asn	



ccg aca ttg gga caa gac gcg ccc gcg ggg cgt acc ttt gat ggg 53124  
Pro Thr Leu Gly Gln Asp Ala Pro Ala Gly Arg Thr Phe Asp Gly  
8660 8665 8670

gat tta gcg cgc gta agc gtg gaa gtt att cgg gat ata cga gtt 53169  
Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Glu Val Ile Arg Asp Ile Arg Val  
8675 8680 8685

aaa aat agg gtc gtt ttt tca ggt aac tgt aca aat ctc tct gag 53214  
Lys Asn Arg Val Val Phe Ser Gly Asn Cys Thr Asn Leu Ser Glu  
8690 8695 8700

gca gcc cgg gca agg ctt gta ggc ctt gca agt gcg tac caa cgc 53259  
Ala Ala Arg Ala Arg Leu Val Gly Leu Ala Ser Ala Tyr Gln Arg  
8705 8710 8715

caa gaa aaa aga gtg gat atg tta cac ggg gcc cta ggg ttt ttg 53304  
Gln Glu Lys Arg Val Asp Met Leu His Gly Ala Leu Gly Phe Leu  
8720 8725 8730

ctt aaa cag ttt cac ggc ctg tta ttt cct cgg ggt atg cca cca 53349  
Leu Lys Gln Phe His Gly Leu Leu Phe Pro Arg Gly Met Pro Pro  
8735 8740 8745

aac agt aaa tcc ccc aac ccg cag tgg ttt tgg acc ctg tta caa 53394  
Asn Ser Lys Ser Pro Asn Pro Gln Trp Phe Trp Thr Leu Leu Gln  
8750 8755 8760

cgc aac cag atg ccg gca gat aaa ctt aca cac gaa gag att acc 53439  
Arg Asn Gln Met Pro Ala Asp Lys Leu Thr His Glu Glu Ile Thr  
8765 8770 8775

act att gca gct gtt aaa ccg ttt acc gag gaa tat gca gca ata 53484  
Thr Ile Ala Ala Val Lys Arg Phe Thr Glu Glu Tyr Ala Ala Ile  
8780 8785 8790

aac ttt att aat cta ccc cca acc tgc ata gga gaa tta gcc cag 53529  
Asn Phe Ile Asn Leu Pro Pro Thr Cys Ile Gly Glu Leu Ala Gln  
8795 8800 8805

ttt tat atg gca aat ctt att ctt aaa tac tgc gat cat tca cag 53574  
Phe Tyr Met Ala Asn Leu Ile Leu Lys Tyr Cys Asp His Ser Gln  
8810 8815 8820

tac ctt ata aat acc tta act tct ata att acg ggt gcc agg cgc 53619  
Tyr Leu Ile Asn Thr Leu Thr Ser Ile Ile Thr Gly Ala Arg Arg  
8825 8830 8835

ccg cgt gac cca tca tcc gtt ttg cat tgg att cgt aaa gat gtc 53664

Pro 8840	Arg	Asp	Pro	Ser	Ser 8845	Val	Leu	His	Trp	Ile 8850	Arg	Lys	Asp	Val	
acg 8855	tcc	gcc	gcg	gac	ata 8860	gaa	acc	caa	gca	aag 8865	gcg	ctt	ctt	gaa	53709
Thr	Ser	Ala	Ala	Asp	Ile	Glu	Thr	Gln	Ala	Lys	Ala	Leu	Leu	Glu	
aaa 8870	acg	gaa	aac	tta	ccg 8875	gaa	tta	tgg	act	acg 8880	gct	ttt	act	tca	53754
Lys	Thr	Glu	Asn	Leu	Pro	Glu	Leu	Trp	Thr	Thr	Ala	Phe	Thr	Ser	
act 8885	cat	tta	gtc	cg	gcg 8890	gcc	atg	aat	caa	cgt 8895	ccc	atg	gtc	gtt	53799
Thr	His	Leu	Val	Arg	Ala	Ala	Met	Asn	Gln	Arg	Pro	Met	Val	Val	
tta 8900	gga	ata	agc	att	agt 8905	aaa	tat	cac	gga	gcg 8910	gca	gga	aac	aac	53844
Leu	Gly	Ile	Ser	Ile	Ser	Lys	Tyr	His	Gly	Ala	Ala	Gly	Asn	Asn	
cgc 8915	gtc	ttt	cag	gca	ggg 8920	aat	tgg	agc	ggt	tta 8925	aac	ggg	ggt	aaa	53889
Arg	Val	Phe	Gln	Ala	Gly	Asn	Trp	Ser	Gly	Leu	Asn	Gly	Gly	Lys	
aat 8930	gta	tgc	ccg	cta	ttt 8935	aca	ttt	gat	cg	act 8940	cg	cgt	ttt	ata	53934
Asn	Val	Cys	Pro	Leu	Phe	Thr	Phe	Asp	Arg	Thr	Arg	Arg	Phe	Ile	
ata 8945	gca	tgt	cct	aga	gga 8950	ggt	ttt	atc	tgc	ccc 8955	gta	aca	ggt	ccc	53979
Ile	Ala	Cys	Pro	Arg	Gly	Gly	Phe	Ile	Cys	Pro	Val	Thr	Gly	Pro	
tcg 8960	tcg	gga	aat	cga	gaa 8965	acc	acc	cta	tcc	gac 8970	caa	gtt	cg	ggt	54024
Ser	Ser	Gly	Asn	Arg	Glu	Thr	Thr	Leu	Ser	Asp	Gln	Val	Arg	Gly	
ata 8975	att	gtc	agt	ggc	ggg 8980	gcc	atg	gtt	caa	tta 8985	gcc	ata	tac	gcc	54069
Ile	Ile	Val	Ser	Gly	Gly	Ala	Met	Val	Gln	Leu	Ala	Ile	Tyr	Ala	
acg 8990	gtt	gtg	cgt	gca	gtg 8995	ggc	gct	cga	gca	caa 9000	cat	atg	gca	ttt	54114
Thr	Val	Val	Arg	Ala	Val	Gly	Ala	Arg	Ala	Gln	His	Met	Ala	Phe	
gac 9005	gac	tgg	tta	agt	ctt 9010	aca	gac	gat	gag	ttt 9015	tta	gcc	aga	gac	54159
Asp	Asp	Trp	Leu	Ser	Leu	Thr	Asp	Asp	Glu	Phe	Leu	Ala	Arg	Asp	
ttg 9020	gag	gag	tta	cac	gac 9025	cag	att	atc	caa	acc 9030	ctg	gaa	acg	ccc	54204
Leu	Glu	Glu	Leu	His	Asp	Gln	Ile	Ile	Gln	Thr	Leu	Glu	Thr	Pro	

tgg acc gta gaa ggc gct cta gaa gca gta aag att cta gat gaa 54249  
 Trp Thr Val Glu Gly Ala Leu Glu Ala Val Lys Ile Leu Asp Glu  
 9035 9040 9045

aaa acg aca gcg gga gat ggg gaa acc ccc aca aac cta gca ttt 54294  
 Lys Thr Thr Ala Gly Asp Gly Glu Thr Pro Thr Asn Leu Ala Phe  
 9050 9055 9060

aat ttt gat tct tgt gaa cca agc cat gac acc aca tct aac gta 54339  
 Asn Phe Asp Ser Cys Glu Pro Ser His Asp Thr Thr Ser Asn Val  
 9065 9070 9075

tta aac att tca ggg tca aac att tca ggg tca act gtc cct ggt 54384  
 Leu Asn Ile Ser Gly Ser Asn Ile Ser Gly Ser Thr Val Pro Gly  
 9080 9085 9090

ctt aaa cga ccc ccc gaa gat gac gaa ctc ttt gat ctt agt ggt 54429  
 Leu Lys Arg Pro Pro Glu Asp Asp Glu Leu Phe Asp Leu Ser Gly  
 9095 9100 9105

att ccc ata aaa cat ggg aac att aca atg gaa atg att taa 54471  
 Ile Pro Ile Lys His Gly Asn Ile Thr Met Glu Met Ile  
 9110 9115 9120

cctccctctt tatccaatta aagcccacac gcgggtgagt gtacgtaata aacaagtcaa 54531

tattacatat tctgttgtgt tttctttttt tgtgtgtagt ccttacccat atgacctgta 54591

atatagtgtg tctccaacca ttcagcttac agtccagtgg acagtaacag cccgataac 54650

atg gaa ttg gat att aat cga aca ttg ttg gtt cta ctg ggt caa 54695  
 Met Glu Leu Asp Ile Asn Arg Thr Leu Leu Val Leu Leu Gly Gln  
 9125 9130 9135

gtt tat acg tac atc ttt cag gtt gaa ctg cta cgt cga tgt gat 54740  
 Val Tyr Thr Tyr Ile Phe Gln Val Glu Leu Leu Arg Arg Cys Asp  
 9140 9145 9150

cca agg gtg gcg tgt cgc ttt tta tat cgg tta gcg gct aac tgt 54785  
 Pro Arg Val Ala Cys Arg Phe Leu Tyr Arg Leu Ala Ala Asn Cys  
 9155 9160 9165

ttg aca gtt cgt tat tta tta aag ctg ttt ctc cgg gga ttt aat 54830  
 Leu Thr Val Arg Tyr Leu Leu Lys Leu Phe Leu Arg Gly Phe Asn  
 9170 9175 9180

acc cag cta aaa ttt gga aac act ccc acg gtt tgt gca ctg cat 54875  
 Thr Gln Leu Lys Phe Gly Asn Thr Pro Thr Val Cys Ala Leu His  
 9185 9190 9195

ttg gca tta tgt tat gta aag gga gaa ggt gag cgt ttg ttt gag	54920
Trp Ala Leu Cys Tyr Val Lys Gly Glu Gly Glu Arg Leu Phe Glu	
9200 9205 9210	
ttg cta caa cat ttt aaa acg cgt ttt gtt tat ggt gag act aaa	54965
Leu Leu Gln His Phe Lys Thr Arg Phe Val Tyr Gly Glu Thr Lys	
9215 9220 9225	
gac tca aac tgt atc aaa gat tac ttt gtc tca gcg ttt aac tta	55010
Asp Ser Asn Cys Ile Lys Asp Tyr Phe Val Ser Ala Phe Asn Leu	
9230 9235 9240	
aaa acc tgc caa tat cac cat gag ctg tcg tta aca aca tac gga	55055
Lys Thr Cys Gln Tyr His His Glu Leu Ser Leu Thr Thr Tyr Gly	
9245 9250 9255	
ggt tac gta tcg agt gaa att cag ttt tta cac gac att gag aat	55100
Gly Tyr Val Ser Ser Glu Ile Gln Phe Leu His Asp Ile Glu Asn	
9260 9265 9270	
ttt tta aaa cag ctt aat tac tgc tat att atc acg tct tct cgt	55145
Phe Leu Lys Gln Leu Asn Tyr Cys Tyr Ile Ile Thr Ser Ser Arg	
9275 9280 9285	
gag gcg cta aac aca ttg gaa acc gtg acg cgg ttt atg aca gat	55190
Glu Ala Leu Asn Thr Leu Glu Thr Val Thr Arg Phe Met Thr Asp	
9290 9295 9300	
act ata gga agc ggt cta ata cca ccc gtg gag ttg ttt gat ccg	55235
Thr Ile Gly Ser Gly Leu Ile Pro Pro Val Glu Leu Phe Asp Pro	
9305 9310 9315	
gcg cat cca tgt gct ata tgt ttt gaa gaa tta tgt ata aca gct	55280
Ala His Pro Cys Ala Ile Cys Phe Glu Glu Leu Cys Ile Thr Ala	
9320 9325 9330	
aac caa ggt gag acc tta cat cgt aga tta tta gga tgt atc tgc	55325
Asn Gln Gly Glu Thr Leu His Arg Arg Leu Leu Gly Cys Ile Cys	
9335 9340 9345	
gat cac gtt act aag caa gtt cgg gtt aac gtg gat gtt gac gat	55370
Asp His Val Thr Lys Gln Val Arg Val Asn Val Asp Val Asp Asp	
9350 9355 9360	
att att cgg tgt tta cca tat atc cct gat gta ccg gat atc aaa	55415
Ile Ile Arg Cys Leu Pro Tyr Ile Pro Asp Val Pro Asp Ile Lys	
9365 9370 9375	
cgt caa tcc gcc gtt gaa gcg tta cga aca ctt caa acc aag acg	55460



Arg	Gln	Ser	Ala	Val	Glu	Ala	Leu	Arg	Thr	Leu	Gln	Thr	Lys	Thr	
		9380					9385					9390			
gta	gtc	aat	ccc	atg	gga	gca	aag	aac	gat	acg	ttt	gac	caa	aca	55505
Val	Val	Asn	Pro	Met	Gly	Ala	Lys	Asn	Asp	Thr	Phe	Asp	Gln	Thr	
		9395					9400					9405			
tac	gaa	att	gcg	agc	acc	atg	ctt	gat	tct	tat	aat	gtt	ttt	aaa	55550
Tyr	Glu	Ile	Ala	Ser	Thr	Met	Leu	Asp	Ser	Tyr	Asn	Val	Phe	Lys	
		9410					9415					9420			
cct	gcc	cct	cgg	tgt	atg	tac	gcc	atc	agc	gag	ctt	aaa	ttc	tgg	55595
Pro	Ala	Pro	Arg	Cys	Met	Tyr	Ala	Ile	Ser	Glu	Leu	Lys	Phe	Trp	
		9425					9430					9435			
tta	acg	tct	aat	tcc	act	gaa	gga	ccc	caa	cgt	act	tta	gac	gtg	55640
Leu	Thr	Ser	Asn	Ser	Thr	Glu	Gly	Pro	Gln	Arg	Thr	Leu	Asp	Val	
		9440					9445					9450			
ttt	gtt	gat	aat	ttg	gat	gta	tta	aac	gaa	cat	gaa	aaa	cac	gca	55685
Phe	Val	Asp	Asn	Leu	Asp	Val	Leu	Asn	Glu	His	Glu	Lys	His	Ala	
		9455					9460					9465			
gaa	ctt	aca	gcc	gta	acg	gtt	gag	ttg	gcg	tta	ttt	gga	aaa	act	55730
Glu	Leu	Thr	Ala	Val	Thr	Val	Glu	Leu	Ala	Leu	Phe	Gly	Lys	Thr	
		9470					9475					9480			
ccc	ata	cac	ttt	gat	agg	gcg	ttt	tct	gaa	gaa	ctc	gga	tct	ctg	55775
Pro	Ile	His	Phe	Asp	Arg	Ala	Phe	Ser	Glu	Glu	Leu	Gly	Ser	Leu	
		9485					9490					9495			
gat	gca	att	gat	agt	att	ttg	gtt	ggc	aat	cgc	tca	tcc	tca	cca	55820
Asp	Ala	Ile	Asp	Ser	Ile	Leu	Val	Gly	Asn	Arg	Ser	Ser	Ser	Pro	
		9500					9505					9510			
gac	agt	cag	ata	gaa	gca	tta	att	aaa	gcc	tgt	tat	gcc	cat	cat	55865
Asp	Ser	Gln	Ile	Glu	Ala	Leu	Ile	Lys	Ala	Cys	Tyr	Ala	His	His	
		9515					9520					9525			
cta	tcg	tcg	cct	ctc	atg	cgt	cac	att	tct	aac	ccg	agt	cat	gat	55910
Leu	Ser	Ser	Pro	Leu	Met	Arg	His	Ile	Ser	Asn	Pro	Ser	His	Asp	
		9530					9535					9540			
aac	gaa	gcc	gcc	tta	cgc	caa	ctt	tta	gaa	aga	gtt	ggg	tgt	gag	55955
Asn	Glu	Ala	Ala	Leu	Arg	Gln	Leu	Leu	Glu	Arg	Val	Gly	Cys	Glu	
		9545					9550					9555			
gat	gat	tta	acc	aaa	gag	gcg	agt	gac	agc	gct	aca	gca	tcc	gaa	56000
Asp	Asp	Leu	Thr	Lys	Glu	Ala	Ser	Asp	Ser	Ala	Thr	Ala	Ser	Glu	
		9560					9565					9570			

tgt gat ctg	aac gat gat agt agc	ata act ttt gct gtt	cat gga	56045
Cys Asp Leu	Asn Asp Asp Ser Ser	Ile Thr Phe Ala Val	His Gly	
9575	9580	9585		
tgg gaa aac	ctg tta tcc aaa gca	aaa att gac gct gcg	gaa aga	56090
Trp Glu Asn	Leu Leu Ser Lys Ala	Lys Ile Asp Ala Ala	Glu Arg	
9590	9595	9600		
aaa cga gta	tat ctt gaa cat ctg	tct aag cgc tct cta	acc agc	56135
Lys Arg Val	Tyr Leu Glu His Leu	Ser Lys Arg Ser Leu	Thr Ser	
9605	9610	9615		
ctc ggt aga	tgt atc cgc gaa cag	cgc caa gag cta gaa	aaa aca	56180
Leu Gly Arg	Cys Ile Arg Glu Gln	Arg Gln Glu Leu Glu	Lys Thr	
9620	9625	9630		
ctc agg gta	aac gtt tat gga gag	gcc tta ttg cag aca	ttt gtt	56225
Leu Arg Val	Asn Val Tyr Gly Glu	Ala Leu Leu Gln Thr	Phe Val	
9635	9640	9645		
tcg atg caa	aat ggg ttt ggg gca	cga aac gtg ttt tta	gct aag	56270
Ser Met Gln	Asn Gly Phe Gly Ala	Arg Asn Val Phe Leu	Ala Lys	
9650	9655	9660		
gtt tcc cag	gca ggg tgt att atc	gac aat cgc att cag	gaa gcg	56315
Val Ser Gln	Ala Gly Cys Ile Ile	Asp Asn Arg Ile Gln	Glu Ala	
9665	9670	9675		
gcc ttt gat	gca cat aga ttt ata	agg aat acc tta gtt	cga cat	56360
Ala Phe Asp	Ala His Arg Phe Ile	Arg Asn Thr Leu Val	Arg His	
9680	9685	9690		
aca gta gat	gcg gct atg tta cct	gca ctt aca cat aaa	ttt ttt	56405
Thr Val Asp	Ala Ala Met Leu Pro	Ala Leu Thr His Lys	Phe Phe	
9695	9700	9705		
gag ttg gtc	aac ggc cca ttg ttt	aat cac gat gaa cac	cgt ttt	56450
Glu Leu Val	Asn Gly Pro Leu Phe	Asn His Asp Glu His	Arg Phe	
9710	9715	9720		
gca caa ccc	cct aac acc gcc tta	ttt ttt acc gtg gaa	aac gtt	56495
Ala Gln Pro	Pro Asn Thr Ala Leu	Phe Phe Thr Val Glu	Asn Val	
9725	9730	9735		
ggc cta ttt	ccg cac tta aaa gag	gaa ttg gca aag ttt	atg ggc	56540
Gly Leu Phe	Pro His Leu Lys Glu	Glu Leu Ala Lys Phe	Met Gly	
9740	9745	9750		
ggt gtc gtt	ggt tcc aac tgg ctt	ctc agt cca ttt agg	ggc ttt	56585

Gly Val Val	Gly Ser Asn Trp Leu	Leu Ser Pro Phe Arg	Gly Phe	
9755	9760	9765		
tat tgc ttt	tct ggg gta gaa ggc	gtt act ttt gca cag	aga ctt	56630
Tyr Cys Phe	Ser Gly Val Glu Gly	Val Thr Phe Ala Gln	Arg Leu	
9770	9775	9780		
gcc tgg aaa	tat att agg gag ctt	gtg ttt gca acc aca	cta ttc	56675
Ala Trp Lys	Tyr Ile Arg Glu Leu	Val Phe Ala Thr Thr	Leu Phe	
9785	9790	9795		
acc tct gtt	ttc cat tgt ggg gag	gtg cgg tta tgt cgc	gtt gac	56720
Thr Ser Val	Phe His Cys Gly Glu	Val Arg Leu Cys Arg	Val Asp	
9800	9805	9810		
cgt cta ggt	aag gat cca cgc ggg	tgc acg tct caa cct	aaa ggt	56765
Arg Leu Gly	Lys Asp Pro Arg Gly	Cys Thr Ser Gln Pro	Lys Gly	
9815	9820	9825		
ata ggc agt	tcc cac gga ccc tta	gac ggc att tat tta	acg tac	56810
Ile Gly Ser	Ser His Gly Pro Leu	Asp Gly Ile Tyr Leu	Thr Tyr	
9830	9835	9840		
gaa gaa aca	tgt ccc ctt gtg gct	att att caa agt gga	gaa aca	56855
Glu Glu Thr	Cys Pro Leu Val Ala	Ile Ile Gln Ser Gly	Glu Thr	
9845	9850	9855		
ggg atc gac	cag aat acc gtc gta	atc tac gat tca gac	gtt ttt	56900
Gly Ile Asp	Gln Asn Thr Val Val	Ile Tyr Asp Ser Asp	Val Phe	
9860	9865	9870		
tct ctt cta	tac acc cta atg cag	cgg ctg gct ccg gat	tca acg	56945
Ser Leu Leu	Tyr Thr Leu Met Gln	Arg Leu Ala Pro Asp	Ser Thr	
9875	9880	9885		
gac ccg gcg	ttt tca taa cctccgttac	gggggtgtgg ttatgctttt		56993
Asp Pro Ala	Phe Ser			
9890				
tatgcatatt ttct	atg ttt gtt acg gcg gtt gtg tcg	gtc tct cca agc	57043	
	Met Phe Val Thr Ala Val Val Ser	Val Ser Pro Ser		
	9895	9900		
tcg ttt tat	gag agt tta caa gta gag ccc	aca caa tca gaa gat	57088	
Ser Phe Tyr	Glu Ser Leu Gln Val Glu Pro Thr	Gln Ser Glu Asp		
9905	9910	9915		
ata acc cgg	tct gct cat ctg ggc gat ggt	gat gaa atc aga gaa	57133	
Ile Thr Arg	Ser Ala His Leu Gly Asp Gly Asp	Glu Ile Arg Glu		
9920	9925	9930		

gct ata cac aag tcc cag gac gcc gaa aca aaa ccc acg ttt tac 57178  
 Ala Ile His Lys Ser Gln Asp Ala Glu Thr Lys Pro Thr Phe Tyr  
 9935 9940 9945

gtc tgc cca ccg cca aca ggc tcc aca atc gta cga tta gaa cca 57223  
 Val Cys Pro Pro Pro Thr Gly Ser Thr Ile Val Arg Leu Glu Pro  
 9950 9955 9960

act cgg aca tgt ccg gat tat cac ctt ggt aaa aac ttt aca gag 57268  
 Thr Arg Thr Cys Pro Asp Tyr His Leu Gly Lys Asn Phe Thr Glu  
 9965 9970 9975

ggt att gct gtt gtt tat aaa gaa aac att gca gcg tac aag ttt 57313  
 Gly Ile Ala Val Val Tyr Lys Glu Asn Ile Ala Ala Tyr Lys Phe  
 9980 9985 9990

aag gcg acg gta tat tac aaa gat gtt atc gtt agc acg gcg tgg 57358  
 Lys Ala Thr Val Tyr Tyr Lys Asp Val Ile Val Ser Thr Ala Trp  
 9995 10000 10005

gcc gga agt tct tat acg caa att act aat aga tat gcg gat agg 57403  
 Ala Gly Ser Ser Tyr Thr Gln Ile Thr Asn Arg Tyr Ala Asp Arg  
 10010 10015 10020

gta cca att ccc gtt tca gag atc acg gac acc att gat aag ttt 57448  
 Val Pro Ile Pro Val Ser Glu Ile Thr Asp Thr Ile Asp Lys Phe  
 10025 10030 10035

ggc aag tgt tct tct aaa gca acg tac gta cga aat aac cac aaa 57493  
 Gly Lys Cys Ser Ser Lys Ala Thr Tyr Val Arg Asn Asn His Lys  
 10040 10045 10050

gtt gaa gcc ttt aat gag gat aaa aat cca cag gat atg cct cta 57538  
 Val Glu Ala Phe Asn Glu Asp Lys Asn Pro Gln Asp Met Pro Leu  
 10055 10060 10065

atc gca tca aaa tat aat tct gtg gga tcc aaa gca tgg cat act 57583  
 Ile Ala Ser Lys Tyr Asn Ser Val Gly Ser Lys Ala Trp His Thr  
 10070 10075 10080

acc aat gac acg tac atg gtt gcc gga acc ccc gga aca tat agg 57628  
 Thr Asn Asp Thr Tyr Met Val Ala Gly Thr Pro Gly Thr Tyr Arg  
 10085 10090 10095

acg ggc acg tcg gtg aat tgc atc att gag gaa gtt gaa gcc aga 57673  
 Thr Gly Thr Ser Val Asn Cys Ile Ile Glu Glu Val Glu Ala Arg  
 10100 10105 10110

tca ata ttc cct tat gat agt ttt gga ctt tcc acg gga gat ata 57718



Ser 10115	Ile	Phe	Pro	Tyr	Asp 10120	Ser	Phe	Gly	Leu	Ser 10125	Thr	Gly	Asp	Ile	
ata	tac	atg	tcc	ccg	ttt	ttt	ggc	cta	cgg	gat	ggt	gca	tac	aga	57763
Ile 10130	Tyr	Met	Ser	Pro	Phe 10135	Phe	Gly	Leu	Arg	Asp 10140	Gly	Ala	Tyr	Arg	
gaa	cat	tcc	aat	tat	gca	atg	gat	cgt	ttt	cac	cag	ttt	gag	ggt	57808
Glu 10145	His	Ser	Asn	Tyr	Ala 10150	Met	Asp	Arg	Phe	His 10155	Gln	Phe	Glu	Gly	
tat	aga	caa	agg	gat	ctt	gac	act	aga	gca	tta	ctg	gaa	cct	gca	57853
Tyr 10160	Arg	Gln	Arg	Asp	Leu 10165	Asp	Thr	Arg	Ala	Leu 10170	Leu	Glu	Pro	Ala	
gcg	cgg	aac	ttt	tta	gtc	acg	cct	cat	tta	acg	gtt	ggt	tgg	aac	57898
Ala 10175	Arg	Asn	Phe	Leu	Val 10180	Thr	Pro	His	Leu	Thr 10185	Val	Gly	Trp	Asn	
tgg	aag	cca	aaa	cga	acg	gaa	gtt	tgt	tcg	ctt	gtc	aag	tgg	cgt	57943
Trp 10190	Lys	Pro	Lys	Arg	Thr 10195	Glu	Val	Cys	Ser	Leu 10200	Val	Lys	Trp	Arg	
gag	gtt	gaa	gac	gta	gtt	cgc	gat	gag	tat	gca	cac	aat	ttt	cgc	57988
Glu 10205	Val	Glu	Asp	Val	Val 10210	Arg	Asp	Glu	Tyr	Ala 10215	His	Asn	Phe	Arg	
ttt	aca	atg	aaa	aca	ctt	tct	acc	acg	ttt	ata	agt	gaa	aca	aac	58033
Phe 10220	Thr	Met	Lys	Thr	Leu 10225	Ser	Thr	Thr	Phe	Ile 10230	Ser	Glu	Thr	Asn	
gag	ttt	aat	ctt	aac	caa	atc	cat	ctc	agt	caa	tgt	gta	aag	gag	58078
Glu 10235	Phe	Asn	Leu	Asn	Gln 10240	Ile	His	Leu	Ser	Gln 10245	Cys	Val	Lys	Glu	
gaa	gcc	cgg	gct	att	att	aac	cgg	atc	tat	aca	acc	aga	tac	aac	58123
Glu 10250	Ala	Arg	Ala	Ile	Ile 10255	Asn	Arg	Ile	Tyr	Thr 10260	Thr	Arg	Tyr	Asn	
tca	tct	cat	gtt	aga	acc	ggg	gat	atc	cag	acc	tac	ctt	gcc	aga	58168
Ser 10265	Ser	His	Val	Arg	Thr 10270	Gly	Asp	Ile	Gln	Thr 10275	Tyr	Leu	Ala	Arg	
ggg	ggg	ttt	gtt	gtg	gtg	ttt	caa	ccc	ctg	ctg	agc	aat	tcc	ctc	58213
Gly 10280	Gly	Phe	Val	Val	Val 10285	Phe	Gln	Pro	Leu	Leu 10290	Ser	Asn	Ser	Leu	
gcc	cgt	ctc	tat	ctc	caa	gaa	ttg	gtc	cgt	gaa	aac	act	aat	cat	58258
Ala 10295	Arg	Leu	Tyr	Leu	Gln 10300	Glu	Leu	Val	Arg	Glu 10305	Asn	Thr	Asn	His	

tca Ser 10310	cca Pro	caa Gln	aaa Lys	cac His	ccg Pro 10315	act Thr	cga Arg	aat Asn	acc Thr	aga Arg 10320	tcc Ser	cga Arg	cga Arg	agc Ser	58303
gtg Val 10325	cca Pro	gtt Val	gag Glu	ttg Leu	cgt Arg 10330	gcc Ala	aat Asn	aga Arg	aca Thr	ata Ile 10335	aca Thr	acc Thr	acc Thr	tca Ser	58348
tcg Ser 10340	gtg Val	gaa Glu	ttt Phe	gct Ala	atg Met 10345	ctc Leu	cag Gln	ttt Phe	aca Thr	tat Tyr 10350	gac Asp	cac His	att Ile	caa Gln	58393
gag Glu 10355	cat His	gtt Val	aat Asn	gaa Glu	atg Met 10360	ttg Leu	gca Ala	cgt Arg	atc Ile	tcc Ser 10365	tcg Ser	tcg Ser	tgg Trp	tgc Cys	58438
cag Gln 10370	cta Leu	caa Gln	aat Asn	cgc Arg	gaa Glu 10375	cgc Arg	gcc Ala	ctt Leu	tgg Trp	agc Ser 10380	gga Gly	cta Leu	ttt Phe	cca Pro	58483
att Ile 10385	aac Asn	cca Pro	agt Ser	gct Ala	tta Leu 10390	gcg Ala	agc Ser	acc Thr	att Ile	ttg Leu 10395	gat Asp	caa Gln	cgt Arg	gtt Val	58528
aaa Lys 10400	gct Ala	cgt Arg	att Ile	ctc Leu	ggc Gly 10405	gac Asp	gtt Val	atc Ile	tcc Ser	gtt Val 10410	tct Ser	aat Asn	tgt Cys	cca Pro	58573
gaa Glu 10415	ctg Leu	gga Gly	tca Ser	gat Asp	aca Thr 10420	cgc Arg	att Ile	ata Ile	ctt Leu	caa Gln 10425	aac Asn	tct Ser	atg Met	agg Arg	58618
gta Val 10430	tct Ser	ggt Gly	agt Ser	act Thr	acg Thr 10435	cgt Arg	tgt Cys	tat Tyr	agc Ser	cgt Arg 10440	cct Pro	tta Leu	att Ile	tca Ser	58663
ata Ile 10445	gtt Val	agt Ser	tta Leu	aat Asn	ggg Gly 10450	tcc Ser	ggg Gly	acg Thr	gtg Val	gag Glu 10455	ggc Gly	cag Gln	ctt Leu	gga Gly	58708
aca Thr 10460	gat Asp	aac Asn	gag Glu	tta Leu	att Ile 10465	atg Met	tcc Ser	aga Arg	gat Asp	ctg Leu 10470	tta Leu	gaa Glu	cca Pro	tgc Cys	58753
gtg Val 10475	gct Ala	aat Asn	cac His	aag Lys	cga Arg 10480	tat Tyr	ttt Phe	cta Leu	ttt Phe	ggg Gly 10485	cat His	cac His	tac Tyr	gta Val	58798
tat	tat	gag	gat	tat	cgt	tac	gtc	cgt	gaa	atc	gca	gtc	cat	gat	58843

Tyr 10490	Tyr	Glu	Asp	Tyr	Arg 10495	Tyr	Val	Arg	Glu	Ile 10500	Ala	Val	His	Asp	
gtg Val 10505	gga Gly	atg Met	att Ile	agc Ser	act Thr 10510	tac Tyr	gta Val	gat Asp	tta Leu	aac Asn 10515	tta Leu	aca Thr	ctt Leu	ctt Leu	58888
aaa Lys 10520	gat Asp	aga Arg	gag Glu	ttt Phe	atg Met 10525	ccg Pro	ctg Leu	caa Gln	gta Val	tat Tyr 10530	aca Thr	aga Arg	gac Asp	gag Glu	58933
ctg Leu 10535	cgg Arg	gat Asp	aca Thr	gga Gly	tta Leu 10540	cta Leu	gac Asp	tac Tyr	agt Ser	gaa Glu 10545	att Ile	caa Gln	cgc Arg	cga Arg	58978
aat Asn 10550	caa Gln	atg Met	cat His	tcg Ser	ctg Leu 10555	cgt Arg	ttt Phe	tat Tyr	gac Asp	ata Ile 10560	gac Asp	aag Lys	gtt Val	gtg Val	59023
caa Gln 10565	tat Tyr	gat Asp	agc Ser	gga Gly	acg Thr 10570	gcc Ala	att Ile	atg Met	cag Gln	ggc Gly 10575	atg Met	gct Ala	cag Gln	ttt Phe	59068
ttc Phe 10580	cag Gln	gga Gly	ctt Leu	ggg Gly	acc Thr 10585	gcg Ala	ggc Gly	cag Gln	gcc Ala	gtt Val 10590	gga Gly	cat His	gtg Val	gtt Val	59113
ctt Leu 10595	ggg Gly	gcc Ala	acg Thr	gga Gly	gcg Ala 10600	ctg Leu	ctt Leu	tcc Ser	acc Thr	gta Val 10605	cac His	gga Gly	ttt Phe	acc Thr	59158
acg Thr 10610	ttt Phe	tta Leu	tct Ser	aac Asn	cca Pro 10615	ttt Phe	ggg Gly	gca Ala	ttg Leu	gcc Ala 10620	gtg Val	gga Gly	tta Leu	ttg Leu	59203
gtt Val 10625	ttg Leu	gcg Ala	gga Gly	ctg Leu	gta Val 10630	gcg Ala	gcc Ala	ttt Phe	ttt Phe	gcg Ala 10635	tac Tyr	cgg Arg	tac Tyr	gtg Val	59248
ctt Leu 10640	aaa Lys	ctt Leu	aaa Lys	aca Thr	agc Ser 10645	ccg Pro	atg Met	aag Lys	gca Ala	tta Leu 10650	tat Tyr	cca Pro	ctc Leu	aca Thr	59293
acc Thr 10655	aag Lys	ggg Gly	tta Leu	aaa Lys	cag Gln 10660	tta Leu	ccg Pro	gaa Glu	gga Gly	atg Met 10665	gat Asp	ccc Pro	ttt Phe	gcc Ala	59338
gag Glu 10670	aaa Lys	ccc Pro	aac Asn	gct Ala	act Thr 10675	gat Asp	acc Thr	cca Pro	ata Ile	gaa Glu 10680	gaa Glu	att Ile	ggc Gly	gac Asp	59383

tca caa aac act gaa ccg tcg gta aat agc ggg ttt gat ccc gat 59428  
 Ser Gln Asn Thr Glu Pro Ser Val Asn Ser Gly Phe Asp Pro Asp  
 10685 10690 10695

aaa ttt cga gaa gcc cag gaa atg att aaa tat atg acg tta gta 59473  
 Lys Phe Arg Glu Ala Gln Glu Met Ile Lys Tyr Met Thr Leu Val  
 10700 10705 10710

tct gcg gct gag cgc caa gaa tct aaa gcc cgc aaa aaa aat aag 59518  
 Ser Ala Ala Glu Arg Gln Glu Ser Lys Ala Arg Lys Lys Asn Lys  
 10715 10720 10725

act agc gcc ctt tta act tca cgt ctt acc ggc ctt gct tta cga 59563  
 Thr Ser Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Thr Gly Leu Ala Leu Arg  
 10730 10735 10740

aat cgc cga gga tac tcc cgt gtt cgc acc gag aat gta acg ggg 59608  
 Asn Arg Arg Gly Tyr Ser Arg Val Arg Thr Glu Asn Val Thr Gly  
 10745 10750 10755

gtg taa atagccaggg ggtttgtttt aatttattaa taaaaatgtg tattacgtta 59664  
 Val  
 10760

ctcatgtgtc tccattacgc atcacagggg gtattttatac ccgataatat acaaaacgcg 59724

ttttgtacct ctaccgcacc cgatatctta acgggggttat t atg gaa tcg tct 59777  
 Met Glu Ser Ser

aac att aac gcg cta caa caa ccg tcg tct atc gca cat cat ccg 59822  
 Asn Ile Asn Ala Leu Gln Gln Pro Ser Ser Ile Ala His His Pro  
 10765 10770 10775

tcc aaa cag tgc gct tca agt ctc aat gaa aca gta aaa gat tct 59867  
 Ser Lys Gln Cys Ala Ser Ser Leu Asn Glu Thr Val Lys Asp Ser  
 10780 10785 10790

ccc ccc gcg att tat gaa gat agg tta gaa cac acg ccg gta caa 59912  
 Pro Pro Ala Ile Tyr Glu Asp Arg Leu Glu His Thr Pro Val Gln  
 10795 10800 10805

tta ccc cgc gac ggt aca ccc cga gac gta tgt tct gtg gga cag 59957  
 Leu Pro Arg Asp Gly Thr Pro Arg Asp Val Cys Ser Val Gly Gln  
 10810 10815 10820

cta acc tgt cga gca tgt gca acg aaa cct ttt cgc ctt aac cgc 60002  
 Leu Thr Cys Arg Ala Cys Ala Thr Lys Pro Phe Arg Leu Asn Arg  
 10825 10830 10835



gac agc caa tac gac tac tta aac aca tgt cca ggg ggc cgt cat 60047  
Asp Ser Gln Tyr Asp Tyr Leu Asn Thr Cys Pro Gly Gly Arg His  
10840 10845 10850

att tca ctg gca ctg gag att ata acg ggt cga tgg gtt tgc atc 60092  
Ile Ser Leu Ala Leu Glu Ile Ile Thr Gly Arg Trp Val Cys Ile  
10855 10860 10865

ccg cgt gtg ttt ccg gat acc cca gag gaa aaa tgg atg gcg cca 60137  
Pro Arg Val Phe Pro Asp Thr Pro Glu Glu Lys Trp Met Ala Pro  
10870 10875 10880

tat att att cca gac cga gaa caa cca tca tca ggg gat gaa gat 60182  
Tyr Ile Ile Pro Asp Arg Glu Gln Pro Ser Ser Gly Asp Glu Asp  
10885 10890 10895

tct gac acc gat taa atttaactta aataaaacct taccacccat aaaaacgcct 60237  
Ser Asp Thr Asp  
10900

tctgtttgtt taacacgaca ccgcttaaca aaaaaaaaaa aaccaaacac gccttttatg 60297

aatgtaatac ttttatattgt tggttaacac cgccccacca tcatctgatt tgcaaacata 60357

tcggcgtcgt ctgccgtgga cccctgtatt aaaggggcct tggaactcgc ctccactgca 60417

tttacatctt gtccaactgt atctgtatgt ggggtgcttg ttgtattttg ggatgagcat 60477

agacccgaaa cgctttgaag ctgttttaaat aaaatcgata ttcgaggatc ccgtgtcccc 60537

tctggtatat ttgtatggtg cgacaaaggc atttgtgtcc catthttgtga ttttagctct 60597

gtaacctcct gttgcagttt tgccacaacc ccagcaagct cttcgtgctg accattagaa 60657

actctgtgtc tcctctgcca atatgatgga gaaactcgac gtctccgatg cgttatatac 60717

gttggttcac cgggaaaata tatatttgag ggaaactctc cgtccatttg agactcccca 60777

ctataaaaag aatccaattc cttttgatcc atgctcttga aatcccgttt tcctggacga 60837

cggacatcgg ttttgtctgg aaaatttaca cacggggtct gcaagtcaat accccgttcg 60897

gcggccaatg cgttcataaa tgccggacatt tgcatttcca aacgattggg tgggtggatat 60957

cccggaaacc cgtacggtcc cccgaagtgt cccggagggc aaccataacc ccctgtatta 61017

ggtgggaagg caggcgggtg tggagatcca tatggcccga cgatatactg tccgttatatt 61077

ggagctccaa ttgataacctg cggatthttta gtctgcccgg ttaacagctg tgaataatac 61137

gcggtaggta tcagtacaaa ttcccctccg gttggaacgc ccgacggggg ctgtggtgag 61197  
atattactag cgttacctgc tacagaagcc atatcgctgt cgttcctaca caactgcgta 61257  
acctttaaat gcggaacagt cttttcacaa tcttcatttg attccccaac acccaacgcg 61317  
agatcgtata tgggcccgcg ggggtggaat gtggcgttta taacaccgcg gttgggtaat 61377  
ttagactcca cccattaac gttggttatc cgagcaagtc catatccggt gctagcctga 61437  
agataaacgt gaccataat tccggcttcg cgtctacgtt ttgcaaccac gtcccatcta 61497  
tctcttaaaa gcatattgtt cacggctgtg gataataaca ccttggcgag tttatcttcg 61557  
ctaaccttcc atactttatt taaaccgcg tagtctttaa ccagcgacaa taaccgcgct 61617  
ttactttcca tcgataaac ccggaatggg tcaattgaag attccggggg acagtcataa 61677  
ttgaccactg ttccaacgcg tcttccaaca acacataacg caacatgggt aaaaaatta 61737  
ccgtctggta tctcattcgg ggacaatcgt tttgaagaca gggatacgga gggtaagtaa 61797  
tttgtgacca agtataacgc acgttctagc ggagataata cagaatctct atttccaaaa 61857  
aaattcgaat gggccgcttc aaacagcacc gcatgtagtt gagggcatct aacgataccc 61917  
aaaaaaaaag gtccgcgtat gtcctcaatg attgcgatta cttcacccac gacacagtct 61977  
tttcgatgat cgatgtttat tggatattta ctagtaggcg gcaaagcgga ccgcacaatc 62037  
tctggggtaa tatttaattc cccttcgtcc tttgaatata aggctaaata cccagccacg 62097  
tataacgctt cacagttctc ttcgtcagct tcagcagcca ttataaacac cccacggacc 62157  
ggatagtga tactcacggt gtggaggcaa actgaggaat gacacccaaa cagacaaaat 62217  
atagaagatc atagtcactg ttaacgttga actgcgcaag gcggcgactt tcttccaatg 62277  
ccgcccttac acgcggttgg tgcattaaca ttccaagtcc ccgttcatat tgcaacataa 62337  
cactgtcatg tattgatacc acggcggcta tgggtaggga tgtaacattt tgtcggcggt 62397  
gttctaattc caatgcaatt aagcttatga gccgatcttg gtactgtcca gaagaaatat 62457  
ctattacggt tcttcctaaa cttccacgac taagctgggt atgcgcgtct aaacaaagag 62517  
caactaatcc aggaaacatt tcagtcagct ctgtggtccg atttaacgta tacagtgggtg 62577  
ctatatatcg ttcacataaa aattgaaagt tattattacc gcttttaaac ttcccatcaa 62637

accccgctgc tccgcgcaag attacattgt tggtaggggt tcctgttgct tctgacacaa 62697  
tcaaaccag ttgaaaatta ttttttagtt tatctccgta tacgttcccg ttccataata 62757  
agcgccttaa taataataac gccgtaatcg tgtcaattgt taaccttaat agagtttggt 62817  
cttccataag aaacacgttt tggggccggt ctaaatacgc cgcgggccgc tgttgaatct 62877  
tgtccacata tgcggtatga ttgcgatcaa taatgtcatt aaccccagga ttaaactgtc 62937  
caggtgcagg cggtaggacc tgcaaccgta taagcgcac cataacagaa tgtgacgtta 62997  
aggcgccttg atcataccgc cccccacgag catgaaactg gtcgcgtggt agacgatcat 63057  
agcaaaattg ataactgttt ttattttcgt gtgttgatcat ataattcaca aatgtctcag 63117  
tatattccgg taggtgctct ataaggttcc cgaaggacga aacttgaggt tcgtggacac 63177  
tattagatgt cctatacatt aaatataaac ataataccgc acactcgaac gcggagtacg 63237  
ctctatctcc aacatacatt ctcccggcgg actgtagaca tgttaccgtt gtgttcataa 63297  
acgtacggga aatgcgcccg tctttacaat caactccgcg tgcagctacg ggcctatcta 63357  
acacaagccg ttccctgcaga gtacgatacc atggcccga aacaatccct ggagagttat 63417  
tgccccttgc ctttcccaag tacaccaggg tgataaaatc cacttgaaag tttgtatcgt 63477  
actgcaacgg tgcatacttt ttggcaatct gtacctcggg gtgtatagac tcattgcgta 63537  
ttatttctgt acgtgtacat tcctcagatt gtgcatctgc ttcttccgcc tcggcagcag 63597  
ccgtctccag ggaatccaaa accttggcca tgcgcgttag ttgttcttcg aggggcttta 63657  
aacgacgac tatttccgtt ggtaacgtaa tcgtttcccc gcgaagggtg tctaatacgg 63717  
caacggccgc cgcatttttt aacgttaacg tatttttttc caaatcggga ttcatacgcc 63777  
ctcttaactc aaacgcggga gccgtccagt agtgtatggg gaagttgggg gctataaagt 63837  
tcttagtggt agacaaaaat atcccacatt tattcgga aa cgagatagat ccgaacccat 63897  
atctcgccgt catggtgtct gcagcaaaca aagtcaactg gcgtgaatat aaaccggtac 63957  
tgctttaaaa gctgttttct taccatggg aaaacatccc gggtatactt tgtaaaattc 64017  
caccacaagc acctaaagaa ggccttctaa ggggtaaatc caccacacaa gctgcatttt 64077  
cttcaaactt tgtaaaagcg gaacgatggc atgatttcgc acgctttttc gcaagagaac 64137

atacgtgaat tttctttttg catagacgtc ttcgctctct aacggacctt atcggggggg 64197  
 tatattccgc tacattctcc aaatgcgacg ctagcataac aaggtttcca tgaatcacct 64257  
 ttgggggtaa ccgagttacc tgtaacaggt tcagaccccg ttgagataca aacacaagga 64317  
 ggggggtcac cattatttca tcagatcccg tgggtgtggt ttcctttatt aaagccatgg 64377  
 tatccctcag ctggcgcata ccctcgcaaa actggtgata cttagtaggg gtatgtatat 64437  
 tagcgctaaa acggcaagat ttttaattcca ctataaaaca aacggtcttt ccggcaccac 64497  
 tggattccgt ttgtataata caaacacaat cggggcgctcg gcgtcccaaa tttacttcaa 64557  
 acgacattga tatgcgtaca gccctttgaa catccacgtg ggataacggc gacaggagtt 64617  
 ttgccagcct cgggttgaac gcgtccgcga aacctcgacg tacgttatca atatcctttt 64677  
 tgagtacatc gtaaaaacga gtgtggcaac gttgtcccaa acgaaaacac ttggcccga 64737  
 ttcgactagc ggacatatat gaagtccgt cccagaagat aacctaagac gcgtttgtct 64797  
 acaataaac atg tca acg gat aaa acc gat gta aaa atg ggc gtt 64842  
 Met Ser Thr Asp Lys Thr Asp Val Lys Met Gly Val  
 10905 10910 10915  
 ttg cgt att tat ttg gac ggg gcg tat gga att gga aaa aca acc 64887  
 Leu Arg Ile Tyr Leu Asp Gly Ala Tyr Gly Ile Gly Lys Thr Thr  
 10920 10925 10930  
 gcc gcc gaa gaa ttt tta cac cac ttt gca ata aca cca aac cgg 64932  
 Ala Ala Glu Glu Phe Leu His His Phe Ala Ile Thr Pro Asn Arg  
 10935 10940 10945  
 atc tta ctc att ggg gag ccc ctg tcg tat tgg cgt aac ctt gca 64977  
 Ile Leu Leu Ile Gly Glu Pro Leu Ser Tyr Trp Arg Asn Leu Ala  
 10950 10955 10960  
 ggg gag gac gcc att tgc gga att tac gga aca caa act cgc cgt 65022  
 Gly Glu Asp Ala Ile Cys Gly Ile Tyr Gly Thr Gln Thr Arg Arg  
 10965 10970 10975  
 ctt aat gga gac gtt tcg cct gaa gac gca caa cgc ctc acg gct 65067  
 Leu Asn Gly Asp Val Ser Pro Glu Asp Ala Gln Arg Leu Thr Ala  
 10980 10985 10990  
 cat ttt cag agc ctg ttc tgt tct ccg cat gca att atg cat gcg 65112  
 His Phe Gln Ser Leu Phe Cys Ser Pro His Ala Ile Met His Ala  
 10995 11000 11005



aaa atc tcg gca ttg Lys Ile Ser Ala Leu 11010	atg gac aca agt aca Met Asp Thr Ser Thr 11015	tcg gat ctc gta caa Ser Asp Leu Val Gln 11020	65157
gta aat aag gag ccg Val Asn Lys Glu Pro 11025	tat aaa att atg tta Tyr Lys Ile Met Leu 11030	tcc gac cga cac cca Ser Asp Arg His Pro 11035	65202
atc gcc tca act ata Ile Ala Ser Thr Ile 11040	tgt ttt ccc ttg tcc Cys Phe Pro Leu Ser 11045	aga tac tta gtg gga Arg Tyr Leu Val Gly 11050	65247
gat atg tcc cca gcg Asp Met Ser Pro Ala 11055	gcg ctt cct ggg tta Ala Leu Pro Gly Leu 11060	ttg ttt acg ctt ccc Leu Phe Thr Leu Pro 11065	65292
gct gaa ccc ccc ggg Ala Glu Pro Pro Gly 11070	acc aac ttg gta gtt Thr Asn Leu Val Val 11075	tgt acc gtt tca ctc Cys Thr Val Ser Leu 11080	65337
ccc agt cat tta tcc Pro Ser His Leu Ser 11085	aga gta agc aaa cgg Arg Val Ser Lys Arg 11090	gcc aga ccg gga gaa Ala Arg Pro Gly Glu 11095	65382
acg gtt aat ctg ccg Thr Val Asn Leu Pro 11100	ttt gtt atg gtt ctg Phe Val Met Val Leu 11105	aga aat gta tat ata Arg Asn Val Tyr Ile 11110	65427
atg ctt att aat aca Met Leu Ile Asn Thr 11115	att ata ttt ctt aaa Ile Ile Phe Leu Lys 11120	act aac aac tgg cac Thr Asn Asn Trp His 11125	65472
gcg ggc tgg aac aca Ala Gly Trp Asn Thr 11130	ctg tca ttt tgt aat Leu Ser Phe Cys Asn 11135	gat gta ttt aaa cag Asp Val Phe Lys Gln 11140	65517
aaa tta caa aaa tcc Lys Leu Gln Lys Ser 11145	gag tgt ata aaa cta Glu Cys Ile Lys Leu 11150	cgc gaa gta cct ggg Arg Glu Val Pro Gly 11155	65562
att gaa gac acg tta Ile Glu Asp Thr Leu 11160	ttc gcc gtg ctt aaa Phe Ala Val Leu Lys 11165	ctt ccg gag ctt tgc Leu Pro Glu Leu Cys 11170	65607
gga gag ttt gga aat Gly Glu Phe Gly Asn 11175	att ctg ccg tta tgg Ile Leu Pro Leu Trp 11180	gca tgg gga atg gag Ala Trp Gly Met Glu 11185	65652
acc ctt tca aac tgc 11190	tca cga agc atg tct 11195	ccg ttc gta tta tcg 11200	65697

Thr Leu Ser Asn Cys	Ser Arg Ser Met Ser	Pro Phe Val Leu Ser	
11190	11195	11200	
tta gaa cag aca ccc	cag cat gcg gca caa	gaa cta aaa act ctg	65742
Leu Glu Gln Thr Pro	Gln His Ala Ala Gln	Glu Leu Lys Thr Leu	
11205	11210	11215	
cta ccc cag atg acc	ccg gca aac atg tcc	tcc ggt gca tgg aat	65787
Leu Pro Gln Met Thr	Pro Ala Asn Met Ser	Ser Gly Ala Trp Asn	
11220	11225	11230	
ata ttg aaa gag ctt	gtt aat gcc gtt cag	gac aac act tcc taa	65832
Ile Leu Lys Glu Leu	Val Asn Ala Val Gln	Asp Asn Thr Ser	
11235	11240		
atatacctag tatttacgta	tgtaccagta aaaagatgat	acacattgtc atactcgcgt	65892
gtacgtgttt ttctttttta	tatatgcgtc atttattacc	acatccttta atcccgcctt	65952
tatctcccta aaacggagtg	gtaatatata aagccgcca	gcctgttggt gggtgaggag	66012
gggtaaaggc acgctgtgtg	cataacgttg cggtgatatt	gtagcgcaag taacagcgac	66072
t atg ttt gcg cta gtt tta	gcg gtg gta att ctt	cct ctt tgg	66115
Met Phe Ala Leu Val Leu	Ala Val Val Ile Leu	Pro Leu Trp	
11245	11250	11255	
acc acg gct aat aaa tct tac	gta aca cca acc cct	gcg act cgc	66160
Thr Thr Ala Asn Lys Ser Tyr	Val Thr Pro Thr Pro	Ala Thr Arg	
11260	11265	11270	
tct atc gga cat atg tct gct	ctt cta cga gaa tat	tcc gac cgt	66205
Ser Ile Gly His Met Ser Ala	Leu Leu Arg Glu Tyr	Ser Asp Arg	
11275	11280	11285	
aat atg tct ctg aaa tta gaa	gcc ttt tat cct act	ggt ttc gat	66250
Asn Met Ser Leu Lys Leu Glu	Ala Phe Tyr Pro Thr	Gly Phe Asp	
11290	11295	11300	
gaa gaa ctc att aaa tca ctt	cac tgg gga aat gat	aga aaa cac	66295
Glu Glu Leu Ile Lys Ser Leu	His Trp Gly Asn Asp	Arg Lys His	
11305	11310	11315	
gtt ttc ttg gtt att gtt aag	gtt aac cct aca aca	cac gaa gga	66340
Val Phe Leu Val Ile Val Lys	Val Asn Pro Thr Thr	His Glu Gly	
11320	11325	11330	
gac gtc ggg ctg gtt ata ttt	cca aaa tac ttg tta	tcg cca tac	66385
Asp Val Gly Leu Val Ile Phe	Pro Lys Tyr Leu Leu	Ser Pro Tyr	
11335	11340	11345	

cat ttc His Phe 11350	aaa gca gaa cat cga Lys Ala Glu His Arg 11355	gca ccg ttt cct gct Ala Pro Phe Pro Ala 11360	gga cgt ttt Gly Arg Phe	66430
gga ttt Gly Phe 11365	ctt agt cac cct gtg Leu Ser His Pro Val 11370	aca ccc gac gtg agc Thr Pro Asp Val Ser 11375	ttc ttt gac Phe Phe Asp	66475
agt tcg Ser Ser 11380	ttt gcg ccg tat tta Phe Ala Pro Tyr Leu 11385	act acg caa cat ctt Thr Thr Gln His Leu 11390	gtt gcg ttt Val Ala Phe	66520
act acg Thr Thr 11395	ttc cca cca aac ccc Phe Pro Pro Asn Pro 11400	ctt gta tgg cat ttg Leu Val Trp His Leu 11405	gaa aga gct Glu Arg Ala	66565
gag acc Glu Thr 11410	gca gca act gca gaa Ala Ala Thr Ala Glu 11415	agg ccg ttt ggg gta Arg Pro Phe Gly Val 11420	agt ctt tta Ser Leu Leu	66610
ccc gct Pro Ala 11425	cgc cca aca gtc ccc Arg Pro Thr Val Pro 11430	aag aat act att ctg Lys Asn Thr Ile Leu 11435	gaa cat aaa Glu His Lys	66655
gcg cat Ala His 11440	ttt gct aca tgg gat Phe Ala Thr Trp Asp 11445	gcc ctt gcc cga cat Ala Leu Ala Arg His 11450	act ttt ttt Thr Phe Phe	66700
tct gcc Ser Ala 11455	gaa gca att atc acc Glu Ala Ile Ile Thr 11460	aac tca acg ttg aga Asn Ser Thr Leu Arg 11465	ata cac gtt Ile His Val	66745
ccc ctt Pro Leu 11470	ttt ggg tcg gta tgg Phe Gly Ser Val Trp 11475	cca att cga tac tgg Pro Ile Arg Tyr Trp 11480	gcc acc ggt Ala Thr Gly	66790
tcg gtg Ser Val 11485	ctt ctc aca agc gac Leu Leu Thr Ser Asp 11490	tcg ggt cgt gtg gaa Ser Gly Arg Val Glu 11495	gta aat att Val Asn Ile	66835
ggt gta Gly Val 11500	gga ttt atg agc tcg Gly Phe Met Ser Ser 11505	ctc att tct tta tcc Leu Ile Ser Leu Ser 11510	tct gga cca Ser Gly Pro	66880
ccg ata Pro Ile 11515	gaa tta att gtt gta Glu Leu Ile Val Val 11520	cca cat aca gta aaa Pro His Thr Val Lys 11525	ctg aac gcg Leu Asn Ala	66925
gtt aca 11530	agc gac acc aca tgg 11535	ttc cag cta aat cca 11540	ccg ggt ccg 11545	66970

Val Thr 11530	Ser Asp Thr Thr Trp 11535	Phe Gln Leu Asn Pro 11540	Pro Gly Pro	
gat ccg Asp Pro 11545	ggg cca tct tat cga Gly Pro Ser Tyr Arg 11550	gtt tat tta ctt gga Val Tyr Leu Leu Gly 11555	cgt ggg ttg Arg Gly Leu	67015
gat atg Asp Met 11560	aat ttt tca aag cat Asn Phe Ser Lys His 11565	gct acg gtc gat ata Ala Thr Val Asp Ile 11570	tgc gca tat Cys Ala Tyr	67060
ccc gaa Pro Glu 11575	gag agt ttg gat tac Glu Ser Leu Asp Tyr 11580	cgc tat cat tta tcc Arg Tyr His Leu Ser 11585	atg gcc cac Met Ala His	67105
acg gag Thr Glu 11590	gct ctg cgg atg aca Ala Leu Arg Met Thr 11595	acg aag gcg gat caa Thr Lys Ala Asp Gln 11600	cat gac ata His Asp Ile	67150
aac gag Asn Glu 11605	gaa agc tat tac cat Glu Ser Tyr Tyr His 11610	atc gcc gca aga ata Ile Ala Ala Arg Ile 11615	gcc aca tca Ala Thr Ser	67195
att ttt Ile Phe 11620	gcg ttg tcg gaa atg Ala Leu Ser Glu Met 11625	ggc cgt acc aca gaa Gly Arg Thr Thr Glu 11630	tat ttt ctg Tyr Phe Leu	67240
tta gat Leu Asp 11635	gag atc gta gat gtt Glu Ile Val Asp Val 11640	cag tat caa tta aaa Gln Tyr Gln Leu Lys 11645	ttc ctt aat Phe Leu Asn	67285
tac att Tyr Ile 11650	tta atg cgg ata gga Leu Met Arg Ile Gly 11655	gca gga gct cat ccc Ala Gly Ala His Pro 11660	aac act ata Asn Thr Ile	67330
tcc gga Ser Gly 11665	acc tcg gat ctg atc Thr Ser Asp Leu Ile 11670	ttt gcc gat cca tcg Phe Ala Asp Pro Ser 11675	cag ctt cat Gln Leu His	67375
gac gaa Asp Glu 11680	ctt tca ctt ctt ttt Leu Ser Leu Leu Phe 11685	ggt cag gta aaa ccc Gly Gln Val Lys Pro 11690	gca aat gtc Ala Asn Val	67420
gat tat Asp Tyr 11695	ttt att tca tat gat Phe Ile Ser Tyr Asp 11700	gaa gcc cgt gat caa Glu Ala Arg Asp Gln 11705	cta aag acc Leu Lys Thr	67465
gca tac Ala Tyr 11710	gcg ctt tcc cgt ggt Ala Leu Ser Arg Gly 11715	caa gac cat gtg aat Gln Asp His Val Asn 11720	gca ctt tct Ala Leu Ser	67510



ctc gcc Leu Ala 11725	agg cgt gtt ata atg Arg Arg Val Ile Met 11730	agc ata tac aag ggg Ser Ile Tyr Lys Gly 11735	ctg ctt gtg Leu Leu Val 67555
aag caa Lys Gln 11740	aat tta aat gct aca Asn Leu Asn Ala Thr 11745	gag agg cag gct tta Glu Arg Gln Ala Leu 11750	ttt ttt gcc Phe Phe Ala 67600
tca atg Ser Met 11755	att tta tta aat ttc Ile Leu Leu Asn Phe 11760	cgc gaa gga cta gaa Arg Glu Gly Leu Glu 11765	aat tca tct Asn Ser Ser 67645
cgg gta Arg Val 11770	tta gac ggt cgc aca Leu Asp Gly Arg Thr 11775	act ttg ctt tta atg Thr Leu Leu Leu Met 11780	aca tcc atg Thr Ser Met 67690
tgt acg Cys Thr 11785	gca gct cac gcc acg Ala Ala His Ala Thr 11790	caa gca gca ctt aac Gln Ala Ala Leu Asn 11795	ata caa gaa Ile Gln Glu 67735
ggc ctg Gly Leu 11800	gca tac tta aat cct Ala Tyr Leu Asn Pro 11805	tca aaa cac atg ttt Ser Lys His Met Phe 11810	aca ata cca Thr Ile Pro 67780
aac gta Asn Val 11815	tac agt cct tgt atg Tyr Ser Pro Cys Met 11820	ggc tcc ctt cgt aca Gly Ser Leu Arg Thr 11825	gac ctc acg Asp Leu Thr 67825
gaa gag Glu Glu 11830	att cat gtt atg aat Ile His Val Met Asn 11835	ctc ctg tcg gca ata Leu Leu Ser Ala Ile 11840	cca aca cgc Pro Thr Arg 67870
cca gga Pro Gly 11845	ctt aac gag gta ttg Leu Asn Glu Val Leu 11850	cat acc caa cta gac His Thr Gln Leu Asp 11855	gaa tct gaa Glu Ser Glu 67915
ata ttc Ile Phe 11860	gac gcg gca ttt aaa Asp Ala Ala Phe Lys 11865	acc atg atg att ttt Thr Met Met Ile Phe 11870	acc aca tgg Thr Thr Trp 67960
act gcc Thr Ala 11875	aaa gat ttg cat ata Lys Asp Leu His Ile 11880	ctc cac acc cat gta Leu His Thr His Val 11885	cca gaa gta Pro Glu Val 68005
ttt acg Phe Thr 11890	tgt caa gat gca gcc Cys Gln Asp Ala Ala 11895	gcg cgt aac gga gaa Ala Arg Asn Gly Glu 11900	tat gtg ctc Tyr Val Leu 68050
att ctt	cca gct gtc cag gga	cac agt tat gtg att	aca cga aac 68095

Ile Leu Pro Ala Val Gln Gly His Ser Tyr Val Ile Thr Arg Asn 11905 11910 11915	
aaa cct caa agg ggt ttg gta tat tcc ctg gca gat gtg gat gta Lys Pro Gln Arg Gly Leu Val Tyr Ser Leu Ala Asp Val Asp Val 11920 11925 11930	68140
tat aac ccc ata tcc gtt gtt tat tta agc agg gat act tgc gtg Tyr Asn Pro Ile Ser Val Val Tyr Leu Ser Arg Asp Thr Cys Val 11935 11940 11945	68185
tct gaa cat ggt gtc ata gag acg gtc gca ctg ccc cat ccg gac Ser Glu His Gly Val Ile Glu Thr Val Ala Leu Pro His Pro Asp 11950 11955 11960	68230
aat tta aaa gaa tgt ttg tat tgc gga agt gtt ttt ctt agg tat Asn Leu Lys Glu Cys Leu Tyr Cys Gly Ser Val Phe Leu Arg Tyr 11965 11970 11975	68275
cta acc acg ggg gcg att atg gat ata att att att gac agc aaa Leu Thr Thr Gly Ala Ile Met Asp Ile Ile Ile Ile Asp Ser Lys 11980 11985 11990	68320
gat aca gaa cga caa cta gcc gct atg gga aac tcc aca att cca Asp Thr Glu Arg Gln Leu Ala Ala Met Gly Asn Ser Thr Ile Pro 11995 12000 12005	68365
ccc ttc aat cca gac atg cac ggg gat gac tct aag gct gtg ttg Pro Phe Asn Pro Asp Met His Gly Asp Asp Ser Lys Ala Val Leu 12010 12015 12020	68410
ttg ttt cca aac gga act gtg gta acg ctt cta gga ttc gaa cga Leu Phe Pro Asn Gly Thr Val Val Thr Leu Leu Gly Phe Glu Arg 12025 12030 12035	68455
cga caa gcc ata cga atg tcg gga caa tac ctt ggg gcc tct tta Arg Gln Ala Ile Arg Met Ser Gly Gln Tyr Leu Gly Ala Ser Leu 12040 12045 12050	68500
gga ggg gcg ttt ctg gcg gta gtg ggg ttt ggt att atc gga tgg Gly Gly Ala Phe Leu Ala Val Val Gly Phe Gly Ile Ile Gly Trp 12055 12060 12065	68545
atg tta tgt gga aat tcc cgc ctt cga gaa tat aat aaa ata cct Met Leu Cys Gly Asn Ser Arg Leu Arg Glu Tyr Asn Lys Ile Pro 12070 12075 12080	68590
ctg aca taa aaaacatgta taataaaaag tcactataaaa cgtattctct Leu Thr 12085	68639

acaatacttt attcggaat aatacacact acctttgggt ttttttcccg tccccaaatg 68699  
gtgtttgggtg cactctacca aaaaatagag cgcctaaata tgctatataa cgcctcccag 68759  
caaaatacgg ttcaaaggca ttacccgata ttgtattgta gtacagggca atgggaattg 68819  
atgatcccaa taaacggcat agacgcacag cgccgttata gcaggggtct ccagagtaca 68879  
gggtatctaa gtaccgggat atctcatact catgcctttc cgtgacagaa acatcaaccg 68939  
gaacagtatc cgataaacca actcctgttt ttgcaaggcg taaaattcgc acaccttcct 68999  
tttttgcaag atgtgacgtt tccttgtaac agggaagctg ggggagtggg aagaacaaca 69059  
aagtttcagc caacgtgcca ataaagccca ctccctcaa gaggtgttt gctgtatcca 69119  
caatgggtccg tattaaatct tgagcaactt gatccgtgtc atcatcactg ggtaacgcgt 69179  
taacataact acgcgttaaa tcttcaataa cggcataaca attaaacgct tcccaccgag 69239  
acagtatata ttgaacaatc acgaaccgtt gacaggacgt cagatcacgt ccgtaagcat 69299  
gcccgaaaaa tggaagtcc ccccgttcgc catataccgc aacaactgca gtatatatcg 69359  
tctcacgggc ttcattaagt tcatcttcaa gtccaggcca ttttctggct ttaaataata 69419  
cctcgtccgc aaaaaaacc gcacatgata acgcgcggat acaatgagta gtggctttat 69479  
ggcgaggatc ccaaatgtcc attacccggg ggatggtcct aatctgtaca aagttactta 69539  
gtgtaatatg atcggacttc ttacgccgtc taggctgttt ctcagaatac ggttcacccg 69599  
aatcggcac atcatctgct ttacgtctt ccgtaaccac atcagcagcg cgccgactaa 69659  
caattatact tgttttttca tcgtcggtac ttccgttaag cgcgtctcgt atctcgggcg 69719  
tcccgtcgaa taatccactc actagctcct gcaaactttc tggtaactcc aacatacgca 69779  
tatacaccaa tgaaaaactg gcttcgtttg gtacgtacat aaagccattt gtggtattaa 69839  
tggcggtggg tgttggaaac aatttttagct tattctcgcg cgtaacatct acccccgcca 69899  
ccaatgttaa atgcgtcacg gggagggaca cgagataatc tgcgagcgta gggtcctcca 69959  
cttcaacatc aatgtttccg caaaggctcg gatccaccgc ccccgatccc gctgcaagta 70019  
aggccactcg atccaaaaac acgcagttat tattggatga taccgcccac gtcttcccgg 70079  
tgcgattgag ctacttcga acgtaactgg caacagatct gtcaccgggt ccgaccccg 70139

gaacaacatg tccaaatttt gcgatctcgc ctccatgttt gcggggtatg gaaattaagc 70199  
 atcccccgca tataaaatac gccctggtag cacgctcggt aaaataaaac gttacgccgt 70259  
 tataagatac gggtgaatga tatggaaatt ccatattaaa gcgtttatcg gaacattaac 70319  
 ctcgaaacttg ccgtcccgtg atcgtgtgat cgccaacctt aggtccacac cgaatatgag 70379  
 aaatatataa ctacacgcaa acattcaaaa caccgtggta tcattaacgt catatgaaaa 70439  
 gatccaatca atccaatcaa ccacacctcc taccgttttag cacgtcagct atgtgacatg 70499  
 ctccaaacat acgtaaacat ttagagaggg tggtataaca gtctgtcagg cggggtatat 70559  
 tctacataat acaaggatcg gctttaactt tgtcaacatt tttactttgg actataaact 70619  
 gcgactgaac gtt atg aac cca ccc caa gcc cgc gtc tcg gaa cag 70665  
                   Met Asn Pro Pro Gln Ala Arg Val Ser Glu Gln  
                                   12090                                  12095  
 aca aag gac ttg ctt agc gtt atg gtt aac cag cac ccc gaa gag 70710  
 Thr Lys Asp Leu Leu Ser Val Met Val Asn Gln His Pro Glu Glu  
                   12100                                  12105                                  12110  
 gac gca aaa gtg tgt aaa tcc agt gat aat tca ccg ctt tat aac 70755  
 Asp Ala Lys Val Cys Lys Ser Ser Asp Asn Ser Pro Leu Tyr Asn  
                   12115                                  12120                                  12125  
 acc atg gtt atg tta tcg tat ggg ggt gat acg gac tta cta tta 70800  
 Thr Met Val Met Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Thr Asp Leu Leu Leu  
                   12130                                  12135                                  12140  
 agc tct gca tgt acc cgc aca tct acc gta aac agg tcg gcg ttt 70845  
 Ser Ser Ala Cys Thr Arg Thr Ser Thr Val Asn Arg Ser Ala Phe  
                   12145                                  12150                                  12155  
 acg caa cac tcc gtg ttt tat att ata tcc acg gtg ttg att caa 70890  
 Thr Gln His Ser Val Phe Tyr Ile Ile Ser Thr Val Leu Ile Gln  
                   12160                                  12165                                  12170  
 cca ata tgt tgt atc ttc ttt ttt ttt tac tat aaa gcg aca cgc 70935  
 Pro Ile Cys Cys Ile Phe Phe Phe Phe Tyr Tyr Lys Ala Thr Arg  
                   12175                                  12180                                  12185  
 tgt atg ctc tta ttc aca gcc ggg tta ctt ctg acg att cta cat 70980  
 Cys Met Leu Leu Phe Thr Ala Gly Leu Leu Leu Thr Ile Leu His  
                   12190                                  12195                                  12200  
 cac ttt cga ctt att att atg tta ttg tgt gtc tac aga aat ata 71025



His Phe Arg Leu	Ile Ile Met Leu Leu	Cys Val Tyr Arg Asn	Ile	
12205	12210	12215		
cga tca gac ctg	cta ccc tta tct aca	tcc cag caa ctg ctg	ctt	71070
Arg Ser Asp Leu	Leu Pro Leu Ser Thr	Ser Gln Gln Leu Leu	Leu	
12220	12225	12230		
gga att att gtt	gtg act cga aca atg	cta ttt tgt att acg	gcg	71115
Gly Ile Ile Val	Val Thr Arg Thr Met	Leu Phe Cys Ile Thr	Ala	
12235	12240	12245		
tat tat act ctt	ttt ata gac acc cgg	gtg ttc ttt ttg att	acc	71160
Tyr Tyr Thr Leu	Phe Ile Asp Thr Arg	Val Phe Phe Leu Ile	Thr	
12250	12255	12260		
gga cac ttg caa	agt gag gtt att ttt	cca gat agc gtt tca	aaa	71205
Gly His Leu Gln	Ser Glu Val Ile Phe	Pro Asp Ser Val Ser	Lys	
12265	12270	12275		
ata ctt cct gtg	tcg tgg ggt cca agt	cca gcc gtg tta ctg	gta	71250
Ile Leu Pro Val	Ser Trp Gly Pro Ser	Pro Ala Val Leu Leu	Val	
12280	12285	12290		
atg gcg gca gtt	att tac gct atg gac	tgt ttg gtg gac acg	gta	71295
Met Ala Ala Val	Ile Tyr Ala Met Asp	Cys Leu Val Asp Thr	Val	
12295	12300	12305		
tcc ttt att ggg	cca agg gtg tgg gtc	cgt gtt atg tta aaa	aca	71340
Ser Phe Ile Gly	Pro Arg Val Trp Val	Arg Val Met Leu Lys	Thr	
12310	12315	12320		
tct att tcg ttt	tag tccatttcaa taaatgtact	ataattgttc agtctaataaa		71395
Ser Ile Ser Phe				
12325				
taatgttggg tatttataat	taccgcccc gtgttacttg	gaaacaccca tacatatgtt		71455
ccactctaca tcaaacttct	cgcagttttc ttgttccgc	acacgttttac acgtccggat		71515
tcaagtcgca acgctgctga	caaa atg aca acg gtt tca	tgt ccc gct aac		71566
	Met Thr Thr Val Ser	Cys Pro Ala Asn		
	12330			
gtg att act aca acg gaa	tct gat cgt att gct	ggg tta ttt aac		71611
Val Ile Thr Thr Thr Glu	Ser Asp Arg Ile Ala	Gly Leu Phe Asn		
12335	12340	12345		
atc cca gcg ggg atc att	cca act gga aat gtg	ctg tca acc ata		71656
Ile Pro Ala Gly Ile Ile	Pro Thr Gly Asn Val	Leu Ser Thr Ile		
12350	12355	12360		

gag	gtg	tgt	gca	cac	cgt	tgc	att	ttt	gat	ttt	ttt	aaa	caa	ata	71701
Glu	Val	Cys	Ala	His	Arg	Cys	Ile	Phe	Asp	Phe	Phe	Lys	Gln	Ile	
12365					12370					12375					
cga	tca	gat	gat	aac	agc	ctt	tac	tcg	gct	caa	ttc	gat	att	ctt	71746
Arg	Ser	Asp	Asp	Asn	Ser	Leu	Tyr	Ser	Ala	Gln	Phe	Asp	Ile	Leu	
12380					12385					12390					
ttg	ggg	aca	tac	tgc	aat	aca	tta	aac	ttt	gtg	cgt	ttt	cta	gaa	71791
Leu	Gly	Thr	Tyr	Cys	Asn	Thr	Leu	Asn	Phe	Val	Arg	Phe	Leu	Glu	
12395					12400					12405					
ctt	gga	ctg	tct	gtc	gct	tgc	atc	tgt	act	aaa	ttt	ccg	gag	ctg	71836
Leu	Gly	Leu	Ser	Val	Ala	Cys	Ile	Cys	Thr	Lys	Phe	Pro	Glu	Leu	
12410					12415					12420					
gct	tac	gtg	cga	gat	ggc	gtt	att	caa	ttt	gag	gta	caa	caa	ccc	71881
Ala	Tyr	Val	Arg	Asp	Gly	Val	Ile	Gln	Phe	Glu	Val	Gln	Gln	Pro	
12425					12430					12435					
atg	ata	gca	cgt	gat	ggc	cca	cat	ccc	gtc	gat	cag	cct	gtt	cat	71926
Met	Ile	Ala	Arg	Asp	Gly	Pro	His	Pro	Val	Asp	Gln	Pro	Val	His	
12440					12445					12450					
aat	tat	atg	gtt	aag	cgg	ata	cac	aag	cgt	tcg	tta	agc	gct	gcg	71971
Asn	Tyr	Met	Val	Lys	Arg	Ile	His	Lys	Arg	Ser	Leu	Ser	Ala	Ala	
12455					12460					12465					
ttt	gca	att	gca	tcg	gaa	gcg	ttg	agt	ttg	tta	agt	aac	aca	tat	72016
Phe	Ala	Ile	Ala	Ser	Glu	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser	Asn	Thr	Tyr	
12470					12475					12480					
gtc	gat	ggg	aca	gag	att	gac	tca	tcg	tta	cgt	ata	aga	gct	atc	72061
Val	Asp	Gly	Thr	Glu	Ile	Asp	Ser	Ser	Leu	Arg	Ile	Arg	Ala	Ile	
12485					12490					12495					
caa	cag	atg	gct	cgt	aat	tta	cgc	acc	gtt	ttg	gac	tca	ttt	gaa	72106
Gln	Gln	Met	Ala	Arg	Asn	Leu	Arg	Thr	Val	Leu	Asp	Ser	Phe	Glu	
12500					12505					12510					
cga	ggc	act	gcc	gat	caa	ctt	ctt	ggt	gtt	cta	ttg	gag	aaa	gcc	72151
Arg	Gly	Thr	Ala	Asp	Gln	Leu	Leu	Gly	Val	Leu	Leu	Glu	Lys	Ala	
12515					12520					12525					
cca	ccg	cta	tcg	ctg	ctt	tca	cca	att	aat	aaa	ttc	caa	ccc	gag	72196
Pro	Pro	Leu	Ser	Leu	Leu	Ser	Pro	Ile	Asn	Lys	Phe	Gln	Pro	Glu	
12530					12535					12540					
gga	cat	cta	aat	cgt	gtt	gca	cgc	gcg	gcc	cta	ctt	tcg	gac	ctc	72241

Gly 12545	His	Leu	Asn	Arg	Val 12550	Ala	Arg	Ala	Ala	Leu 12555	Leu	Ser	Asp	Leu	
aaa	cgt	aga	gtc	tgt	gcg	gat	atg	ttt	ttt	atg	acc	cga	cac	gcc	72286
Lys 12560	Arg	Arg	Val	Cys	Ala 12565	Asp	Met	Phe	Phe	Met 12570	Thr	Arg	His	Ala	
agg	gaa	cct	agg	ctg	atc	tct	gcg	tat	ctg	tcg	gat	atg	gtt	tcg	72331
Arg 12575	Glu	Pro	Arg	Leu	Ile 12580	Ser	Ala	Tyr	Leu	Ser 12585	Asp	Met	Val	Ser	
tgc	acc	caa	cca	tcg	gtg	atg	gta	tca	cga	ata	act	cat	aca	aac	72376
Cys 12590	Thr	Gln	Pro	Ser	Val 12595	Met	Val	Ser	Arg	Ile 12600	Thr	His	Thr	Asn	
act	cgc	gga	cgg	cag	gtt	gac	ggt	gtg	ttg	gta	aca	aca	gca	acc	72421
Thr 12605	Arg	Gly	Arg	Gln	Val 12610	Asp	Gly	Val	Leu	Val 12615	Thr	Thr	Ala	Thr	
tta	aaa	cgg	caa	cta	tta	cag	gga	att	tta	caa	att	gac	gac	acc	72466
Leu 12620	Lys	Arg	Gln	Leu	Leu 12625	Gln	Gly	Ile	Leu	Gln 12630	Ile	Asp	Asp	Thr	
gcc	gct	gac	gta	cca	gta	aca	tat	ggc	gaa	atg	gtt	cta	cag	ggg	72511
Ala 12635	Ala	Asp	Val	Pro	Val 12640	Thr	Tyr	Gly	Glu	Met 12645	Val	Leu	Gln	Gly	
aca	aac	ttg	gta	acc	gcc	ctt	gtg	atg	gga	aag	gcc	gtc	cgc	gga	72556
Thr 12650	Asn	Leu	Val	Thr	Ala 12655	Leu	Val	Met	Gly	Lys 12660	Ala	Val	Arg	Gly	
atg	gat	gat	gta	gcc	cgc	cat	ctc	ctt	gat	ata	acc	gac	cct	aac	72601
Met 12665	Asp	Asp	Val	Ala	Arg 12670	His	Leu	Leu	Asp	Ile 12675	Thr	Asp	Pro	Asn	
acg	tta	aac	ata	ccg	tct	ata	ccc	cca	caa	tcc	aac	tcc	gat	tca	72646
Thr 12680	Leu	Asn	Ile	Pro	Ser 12685	Ile	Pro	Pro	Gln	Ser 12690	Asn	Ser	Asp	Ser	
acg	aca	gct	ggg	ctt	ccg	gtt	aac	gcc	cgt	gtt	cct	gcg	gat	tta	72691
Thr 12695	Thr	Ala	Gly	Leu	Pro 12700	Val	Asn	Ala	Arg	Val 12705	Pro	Ala	Asp	Leu	
gtg	att	gtt	ggg	gat	aaa	ctt	gta	ttc	tta	gaa	gca	tta	gaa	cgg	72736
Val 12710	Ile	Val	Gly	Asp	Lys 12715	Leu	Val	Phe	Leu	Glu 12720	Ala	Leu	Glu	Arg	
cgg	gtc	tac	caa	gct	acg	cgc	gtt	gcc	tac	cct	ctt	att	gga	aat	72781
Arg 12725	Val	Tyr	Gln	Ala	Thr 12730	Arg	Val	Ala	Tyr	Pro 12735	Leu	Ile	Gly	Asn	

ata Ile 12740	gat Asp 12740	att Ile 12740	acg Thr 12740	ttt Phe 12740	atc Ile 12745	atg Met 12745	cca Pro 12745	atg Met 12750	gga Gly 12750	gtg Val 12750	ttt Phe 12750	cag Gln 12750	gca Ala 12750	aac Asn 12750	72826
tcc Ser 12755	atg Met 12755	gac Asp 12755	aga Arg 12755	tat Tyr 12755	aca Thr 12760	cga Arg 12760	cac His 12760	gcc Ala 12765	ggc Gly 12765	gat Asp 12765	ttt Phe 12765	tca Ser 12765	act Thr 12765	gta Val 12765	72871
tcc Ser 12770	gaa Glu 12770	cag Gln 12770	gat Asp 12770	cca Pro 12775	cgt Arg 12775	caa Gln 12780	ttt Phe 12780	cca Pro 12780	ccc Pro 12780	caa Gln 12780	ggg Gly 12780	att Ile 12780	ttt Phe 12780	ttt Phe 12780	72916
tat Tyr 12785	aat Asn 12785	aaa Lys 12785	gat Asp 12785	ggg Gly 12790	ata Ile 12790	tta Leu 12795	aca Thr 12795	cag Gln 12795	ttg Leu 12795	act Thr 12795	ctt Leu 12795	cgt Arg 12795	gat Asp 12795	gca Ala 12795	72961
atg Met 12800	ggt Gly 12800	acc Thr 12800	atc Ile 12800	tgc Cys 12805	cac His 12805	agt Ser 12810	tca Ser 12810	ttg Leu 12810	ctt Leu 12810	gat Asp 12810	gtc Val 12810	gag Glu 12810	gcc Ala 12810	aca Thr 12810	73006
ctt Leu 12815	gtt Val 12815	gcc Ala 12815	ctc Leu 12815	cgc Arg 12820	caa Gln 12820	caa Gln 12825	cat His 12825	tta Leu 12825	gat Asp 12825	cgt Arg 12825	cag Gln 12825	tgt Cys 12825	tat Tyr 12825	ttt Phe 12825	73051
ggt Gly 12830	gta Val 12830	tac Tyr 12830	gtg Val 12830	gcc Ala 12835	gag Glu 12835	ggt Gly 12840	aca Thr 12840	gag Glu 12840	gac Asp 12840	aca Thr 12840	ttg Leu 12840	gat Asp 12840	gtt Val 12840	caa Gln 12840	73096
atg Met 12845	ggg Gly 12845	agg Arg 12845	ttt Phe 12845	atg Met 12850	gaa Glu 12850	acg Thr 12855	tgg Trp 12855	gca Ala 12855	gat Asp 12855	atg Met 12855	atg Met 12855	cct Pro 12855	cat His 12855	cac His 12855	73141
cct Pro 12860	cat His 12860	tgg Trp 12860	gta Val 12860	aac Asn 12865	gaa Glu 12865	cat His 12870	tta Leu 12870	aca Thr 12870	att Ile 12870	cta Leu 12870	cag Gln 12870	ttt Phe 12870	ata Ile 12870	gct Ala 12870	73186
ccg Pro 12875	agc Ser 12875	aac Asn 12875	ccg Pro 12875	cgt Arg 12880	cta Leu 12880	agg Arg 12885	ttt Phe 12885	gaa Glu 12885	tta Leu 12885	aac Asn 12885	ccc Pro 12885	gcc Ala 12885	ttt Phe 12885	gat Asp 12885	73231
ttt Phe 12890	ttt Phe 12890	gtt Val 12890	gca Ala 12895	ccg Pro 12895	ggg Gly 12895	gac Asp 12900	gta Val 12900	gac Asp 12900	ctt Leu 12900	ccc Pro 12900	gga Gly 12900	ccg Pro 12900	cag Gln 12900	cgt Arg 12900	73276
ccc Pro 12905	ccg Pro 12905	gaa Glu 12905	gcc Ala 12905	atg Met 12910	cca Pro 12910	acc Thr 12915	gtt Val 12915	aac Asn 12915	gca Ala 12915	aca Thr 12915	tta Leu 12915	cgg Arg 12915	att Ile 12915	atc Ile 12915	73321
aac 12905	gga 12905	aac 12905	att 12905	ccc 12905	gtg 12905	cct 12905	cta 12905	tgt 12905	ccc 12905	att 12905	tca 12905	ttt 12905	cga 12905	gac 12905	73366



Asn 12920	Gly	Asn	Ile	Pro	Val 12925	Pro	Leu	Cys	Pro	Ile 12930	Ser	Phe	Arg	Asp	
tgt	cgc	gga	acc	caa	ctc	ggt	ttg	gga	aga	cat	aca	atg	acc	ccg	73411
Cys 12935	Arg	Gly	Thr	Gln	Leu 12940	Gly	Leu	Gly	Arg	His 12945	Thr	Met	Thr	Pro	
gca	acc	att	aaa	gcc	gta	aag	gat	aca	ttt	gaa	gac	cgc	gca	tac	73456
Ala 12950	Thr	Ile	Lys	Ala	Val 12955	Lys	Asp	Thr	Phe	Glu 12960	Asp	Arg	Ala	Tyr	
cca	act	att	ttc	tac	atg	cta	gag	gct	gtt	att	cat	gga	aac	gaa	73501
Pro 12965	Thr	Ile	Phe	Tyr	Met 12970	Leu	Glu	Ala	Val	Ile 12975	His	Gly	Asn	Glu	
aga	aac	ttc	tgt	gcg	tta	ctg	cga	ctg	tta	aca	cag	tgt	att	cgc	73546
Arg 12980	Asn	Phe	Cys	Ala	Leu 12985	Leu	Arg	Leu	Leu	Thr 12990	Gln	Cys	Ile	Arg	
ggg	tat	tgg	gag	caa	tcc	cac	agg	gtg	gca	ttt	gta	aat	aac	ttt	73591
Gly 12995	Tyr	Trp	Glu	Gln	Ser 13000	His	Arg	Val	Ala	Phe 13005	Val	Asn	Asn	Phe	
cac	atg	tta	atg	tac	ata	act	aca	tat	ctc	gga	aac	ggt	gag	ctt	73636
His 13010	Met	Leu	Met	Tyr	Ile 13015	Thr	Thr	Tyr	Leu	Gly 13020	Asn	Gly	Glu	Leu	
ccc	gaa	gtc	tgt	att	aat	ata	tat	cgg	gat	tta	ctg	cag	cat	gta	73681
Pro 13025	Glu	Val	Cys	Ile	Asn 13030	Ile	Tyr	Arg	Asp	Leu 13035	Leu	Gln	His	Val	
aga	gca	tta	cgc	caa	act	ata	acc	gat	ttt	aca	ata	caa	gga	gag	73726
Arg 13040	Ala	Leu	Arg	Gln	Thr 13045	Ile	Thr	Asp	Phe	Thr 13050	Ile	Gln	Gly	Glu	
ggc	cat	aac	ggc	gag	acc	tcg	gaa	gcg	cta	aat	aac	atc	ctt	acg	73771
Gly 13055	His	Asn	Gly	Glu	Thr 13060	Ser	Glu	Ala	Leu	Asn 13065	Asn	Ile	Leu	Thr	
gat	gac	acg	ttt	att	gca	cct	att	cta	tgg	gat	tgt	gat	gcg	tta	73816
Asp 13070	Asp	Thr	Phe	Ile	Ala 13075	Pro	Ile	Leu	Trp	Asp 13080	Cys	Asp	Ala	Leu	
ata	tac	cgt	gat	gaa	gcc	gcc	cga	gac	cga	ctc	ccc	gca	att	cgt	73861
Ile 13085	Tyr	Arg	Asp	Glu	Ala 13090	Ala	Arg	Asp	Arg	Leu 13095	Pro	Ala	Ile	Arg	
gta	agc	ggg	cga	aac	gga	tac	caa	gcc	ctt	cac	ttt	gtg	gat	atg	73906
Val 13100	Ser	Gly	Arg	Asn	Gly 13105	Tyr	Gln	Ala	Leu	His 13110	Phe	Val	Asp	Met	

gcc Ala 13115	ggg cat aac ttc caa Gly His Asn Phe Gln 13120	cga cgc gat aat gtg Arg Arg Asp Asn Val 13125	tta atc cac ggg Leu Ile His Gly	73951
aga Arg 13130	ccc gtt cgg gga gac Pro Val Arg Gly Asp 13135	acg ggt cag ggt att Thr Gly Gln Gly Ile 13140	ccc att act cca Pro Ile Thr Pro	73996
cac His 13145	cat gac cgt gaa tgg His Asp Arg Glu Trp 13150	ggt att ctc tcc aag Gly Ile Leu Ser Lys 13155	att tac tac tat Ile Tyr Tyr Tyr	74041
att Ile 13160	gtc att cct gca ttt Val Ile Pro Ala Phe 13165	tcc cgc ggt tcc tgt Ser Arg Gly Ser Cys 13170	tgt aca atg ggc Cys Thr Met Gly	74086
gtg Val 13175	cgt tat gat cgc cta Arg Tyr Asp Arg Leu 13180	tac cct gcg tta cag Tyr Pro Ala Leu Gln 13185	gca gtt atc gtt Ala Val Ile Val	74131
ccg Pro 13190	gaa att ccc gct gat Glu Ile Pro Ala Asp 13195	gaa gaa gcc cca act Glu Glu Ala Pro Thr 13200	acc cca gaa gat Thr Pro Glu Asp	74176
cca Pro 13205	aga cac cct ctt cac Arg His Pro Leu His 13210	gca cac caa ctc gtt Ala His Gln Leu Val 13215	ccg aac tct ctt Pro Asn Ser Leu	74221
aac Asn 13220	gtt tac ttc cat aat Val Tyr Phe His Asn 13225	gca cac cta acc gtt Ala His Leu Thr Val 13230	gat ggt gat gca Asp Gly Asp Ala	74266
ttg Leu 13235	ctc aca cta caa gag Leu Thr Leu Gln Glu 13240	tta atg gga gat atg Leu Met Gly Asp Met 13245	gct gaa cga acg Ala Glu Arg Thr	74311
acg Thr 13250	gcc att tta gta tca Ala Ile Leu Val Ser 13255	agc gcc ccc gat gcg Ser Ala Pro Asp Ala 13260	gga gcc gcc acg Gly Ala Ala Thr	74356
gca Ala 13265	aca acc aga aat atg Thr Thr Arg Asn Met 13270	aga ata tat gac gga Arg Ile Tyr Asp Gly 13275	gcg ctt tac cat Ala Leu Tyr His	74401
ggc Gly 13280	ctt att atg atg gca Leu Ile Met Met Ala 13285	tat cag gcg tac gat Tyr Gln Ala Tyr Asp 13290	gaa acc att gca Glu Thr Ile Ala	74446
acg	ggt act ttt ttt tat	ccc gtt ccg gtc aac	cct ctg ttt gca	74491

Thr 13295	Gly	Thr	Phe	Phe	Tyr 13300	Pro	Val	Pro	Val	Asn 13305	Pro	Leu	Phe	Ala	
tgt	ccg	gaa	cat	ttg	gca	tca	ttg	cgt	gga	atg	aca	aat	gct	agg	74536
Cys 13310	Pro	Glu	His	Leu	Ala 13315	Ser	Leu	Arg	Gly	Met 13320	Thr	Asn	Ala	Arg	
cgg	gtt	ttg	gca	aaa	atg	gta	cca	cca	atc	cct	cct	ttt	ctg	gga	74581
Arg 13325	Val	Leu	Ala	Lys	Met 13330	Val	Pro	Pro	Ile	Pro 13335	Pro	Phe	Leu	Gly	
gcc	aac	cac	cac	gca	act	ata	cgc	caa	ccc	gtt	gcc	tac	cat	gta	74626
Ala 13340	Asn	His	His	Ala	Thr 13345	Ile	Arg	Gln	Pro	Val 13350	Ala	Tyr	His	Val	
acg	cat	agt	aag	tcg	gat	ttt	aat	act	ctt	aca	tat	tct	ctt	ctt	74671
Thr 13355	His	Ser	Lys	Ser	Asp 13360	Phe	Asn	Thr	Leu	Thr 13365	Tyr	Ser	Leu	Leu	
gga	ggg	tat	ttt	aag	ttt	aca	cca	ata	tct	ctt	aca	cat	caa	cta	74716
Gly 13370	Gly	Tyr	Phe	Lys	Phe 13375	Thr	Pro	Ile	Ser	Leu 13380	Thr	His	Gln	Leu	
cga	acg	gga	ttt	cac	ccc	ggg	att	gcc	ttt	acc	gta	gtg	cgc	cag	74761
Arg 13385	Thr	Gly	Phe	His	Pro 13390	Gly	Ile	Ala	Phe	Thr 13395	Val	Val	Arg	Gln	
gat	cgc	ttt	gcc	aca	gag	caa	ctt	tta	tat	gcc	gag	cgt	gct	tct	74806
Asp 13400	Arg	Phe	Ala	Thr	Glu 13405	Gln	Leu	Leu	Tyr	Ala 13410	Glu	Arg	Ala	Ser	
gaa	tcg	tac	ttt	gtc	gga	caa	atc	caa	gta	cac	cat	cat	gat	gct	74851
Glu 13415	Ser	Tyr	Phe	Val	Gly 13420	Gln	Ile	Gln	Val	His 13425	His	His	Asp	Ala	
att	ggg	ggg	gta	aac	ttt	acc	cta	acc	caa	ccc	aga	gct	cac	gtg	74896
Ile 13430	Gly	Gly	Val	Asn	Phe 13435	Thr	Leu	Thr	Gln	Pro 13440	Arg	Ala	His	Val	
gac	ctg	gga	gtc	ggg	tat	aca	gct	gta	tgt	gcc	aca	gca	gcc	ctg	74941
Asp 13445	Leu	Gly	Val	Gly	Tyr 13450	Thr	Ala	Val	Cys	Ala 13455	Thr	Ala	Ala	Leu	
cga	tgc	cct	ctc	acg	gat	atg	ggc	aat	act	gcc	caa	aat	ctt	ttt	74986
Arg 13460	Cys	Pro	Leu	Thr	Asp 13465	Met	Gly	Asn	Thr	Ala 13470	Gln	Asn	Leu	Phe	
ttt	tca	cga	gga	gga	gtg	cca	atg	tta	cat	gat	aac	gtt	acc	gaa	75031
Phe 13475	Ser	Arg	Gly	Gly	Val 13480	Pro	Met	Leu	His	Asp 13485	Asn	Val	Thr	Glu	

tcg ttg cgt cgt ata aca gca tcg ggg ggt cgc tta aat ccc acc 75076  
 Ser Leu Arg Arg Ile Thr Ala Ser Gly Gly Arg Leu Asn Pro Thr  
 13490 13495 13500

gaa ccc cta ccc atc ttc ggc gga cta cgt cct gct aca tcg gca 75121  
 Glu Pro Leu Pro Ile Phe Gly Gly Leu Arg Pro Ala Thr Ser Ala  
 13505 13510 13515

gga att gca cga ggg caa gcc tct gtg tgt gag ttt gtg gcc atg 75166  
 Gly Ile Ala Arg Gly Gln Ala Ser Val Cys Glu Phe Val Ala Met  
 13520 13525 13530

ccg gtg tcc act gac cta caa tat ttt aga act gca tgc aat cct 75211  
 Pro Val Ser Thr Asp Leu Gln Tyr Phe Arg Thr Ala Cys Asn Pro  
 13535 13540 13545

aga ggt cga gca tct gga atg tta tat atg ggt gac cgt gac gcc 75256  
 Arg Gly Arg Ala Ser Gly Met Leu Tyr Met Gly Asp Arg Asp Ala  
 13550 13555 13560

gac ata gag gct ata atg ttt gat cac aca caa tcg gat gtt gct 75301  
 Asp Ile Glu Ala Ile Met Phe Asp His Thr Gln Ser Asp Val Ala  
 13565 13570 13575

tat aca gat cga gca act ctt aac cca tgg gca tca caa aaa cat 75346  
 Tyr Thr Asp Arg Ala Thr Leu Asn Pro Trp Ala Ser Gln Lys His  
 13580 13585 13590

tca tac ggt gac agg cta tac aac gga aca tac aac ctt aca ggc 75391  
 Ser Tyr Gly Asp Arg Leu Tyr Asn Gly Thr Tyr Asn Leu Thr Gly  
 13595 13600 13605

gct tct cct atc tac agc cca tgc ttt aag ttt ttt aca cca gcg 75436  
 Ala Ser Pro Ile Tyr Ser Pro Cys Phe Lys Phe Phe Thr Pro Ala  
 13610 13615 13620

gag gtt aac act aat tgt aat aca ctg gat cgg ctt cta atg gag 75481  
 Glu Val Asn Thr Asn Cys Asn Thr Leu Asp Arg Leu Leu Met Glu  
 13625 13630 13635

gca aag gct gtg gcg tcg caa agc tcc acc gac act gaa tat caa 75526  
 Ala Lys Ala Val Ala Ser Gln Ser Ser Thr Asp Thr Glu Tyr Gln  
 13640 13645 13650

ttt aaa cgc cct ccc ggt tct acc gaa atg aca cag gat ccg tgt 75571  
 Phe Lys Arg Pro Pro Gly Ser Thr Glu Met Thr Gln Asp Pro Cys  
 13655 13660 13665

ggc ctt ttt caa gaa gca tat cca cca cta tgc tca agc gat gcg 75616



Gly 13670	Leu	Phe	Gln	Glu	Ala 13675	Tyr	Pro	Pro	Leu	Cys 13680	Ser	Ser	Asp	Ala	
gcc	atg	tta	cga	acg	gct	cac	gcg	gga	gaa	acc	ggg	gca	gat	gaa	75661
Ala	Met	Leu	Arg	Thr	Ala 13685	His	Ala	Gly	Glu	Thr 13690	Gly	Ala	Asp	Glu	
ggt	cac	tta	gcc	caa	tat	ctg	att	cga	gac	gcg	tcg	ccc	ctt	agg	75706
Val	His	Leu	Ala	Gln	Tyr 13700	Leu	Ile	Arg	Asp	Ala 13705	Ser	Pro	Leu	Arg	
gga	tgt	ctt	cct	ctt	ccg	cga	taa	tttcaccacg	cccacatacc						75750
Gly	Cys	Leu	Pro	Leu	Pro 13715	Arg									
cactcccaat	aaaagccctg	tagagcgc	cat	tggcatctta	cttgagattt	ggatacgc	ctc								75810
ggccgacttg	gtctgtttca	cgcttcctta	aacaac	atg	gct	atg	cca	ttt	gag						75864
				Met	Ala	Met	Pro	Phe	Glu						13725
ata	gag	gta	ttg	tta	cca	gga	gaa	cta	tcc	ccg	gcg	gaa	aca	tct	75909
Ile	Glu	Val	Leu	Leu	Pro	Gly	Glu	Leu	Ser	Pro	Ala	Glu	Thr	Ser	
															13730
gca	tta	cag	aaa	tgt	gag	gga	aaa	att	att	acc	ttc	tca	acc	ctg	75954
Ala	Leu	Gln	Lys	Cys	Glu	Gly	Lys	Ile	Ile	Thr	Phe	Ser	Thr	Leu	
															13745
cgt	cat	cga	gct	tca	ctg	gtg	gat	ata	gcg	ctg	tcg	tca	tat	tac	75999
Arg	His	Arg	Ala	Ser	Leu	Val	Asp	Ile	Ala	Leu	Ser	Ser	Tyr	Tyr	
															13760
att	aac	ggt	gct	cca	cca	gac	acg	ctc	tcg	ctg	tta	gag	gca	tac	76044
Ile	Asn	Gly	Ala	Pro	Pro	Asp	Thr	Leu	Ser	Leu	Leu	Glu	Ala	Tyr	
															13775
cga	atg	cga	ttc	gcg	gca	gtt	ata	aca	cgg	gtc	atc	ccg	gga	aag	76089
Arg	Met	Arg	Phe	Ala	Ala	Val	Ile	Thr	Arg	Val	Ile	Pro	Gly	Lys	
															13790
ttg	ttg	gcg	cat	gcc	att	ggc	gtg	ggt	act	cct	aca	ccc	ggg	ttg	76134
Leu	Leu	Ala	His	Ala	Ile	Gly	Val	Gly	Thr	Pro	Thr	Pro	Gly	Leu	
															13805
ttt	att	caa	aat	aca	tcc	ccc	gtt	gat	ctt	tgt	aat	ggc	gat	tac	76179
Phe	Ile	Gln	Asn	Thr	Ser	Pro	Val	Asp	Leu	Cys	Asn	Gly	Asp	Tyr	
															13820
atc	tgc	tta	ctt	cct	ccg	gtt	ttc	ggg	tcc	gca	gac	tca	att	cgc	76224
															13825
															13830

Ile Cys Leu 13835	Leu Pro Pro Val Phe 13840	Gly Ser Ala Asp Ser 13845	Ile Arg	
ttg gac tct Leu Asp Ser 13850	gta gga ctg gaa att Val Gly Leu Glu Ile 13855	gtt ttc cct tta acc Val Phe Pro Leu Thr 13860	atc ccc Ile Pro	76269
cag acc tta Gln Thr Leu 13865	atg cga gaa atc atc Met Arg Glu Ile Ile 13870	gcc aaa gtg gtt gca Ala Lys Val Val Ala 13875	cgg gcc Arg Ala	76314
gtt gag cgc Val Glu Arg 13880	acg gcc gcg ggt gct Thr Ala Ala Gly Ala 13885	caa att tta ccc cac Gln Ile Leu Pro His 13890	gaa gtt Glu Val	76359
cta cga ggc Leu Arg Gly 13895	gcg gat gtc att tgt Ala Asp Val Ile Cys 13900	tac aat gga agg cgt Tyr Asn Gly Arg Arg 13905	tat gaa Tyr Glu	76404
ctc gaa aca Leu Glu Thr 13910	aat tta caa cat cgg Asn Leu Gln His Arg 13915	gac gga tcg gat gcg Asp Gly Ser Asp Ala 13920	gct att Ala Ile	76449
cgc aca ttg Arg Thr Leu 13925	gtt tta aat cta atg Val Leu Asn Leu Met 13930	ttt tcc ata aac gag Phe Ser Ile Asn Glu 13935	gga tgt Gly Cys	76494
ctg ctt tta Leu Leu Leu 13940	ttg gcg ctg att cca Leu Ala Leu Ile Pro 13945	act ttg tta gtc caa Thr Leu Leu Val Gln 13950	gga gca Gly Ala	76539
cac gac ggt His Asp Gly 13955	tat gta aat tta ttg Tyr Val Asn Leu Leu 13960	ata caa acg gcc aat Ile Gln Thr Ala Asn 13965	tgc gtt Cys Val	76584
aga gaa acc Arg Glu Thr 13970	ggc cag tta att aat Gly Gln Leu Ile Asn 13975	ata ccg cca atg ccg Ile Pro Pro Met Pro 13980	cgg att Arg Ile	76629
caa gac ggc Gln Asp Gly 13985	cat cgc cga ttt ccc His Arg Arg Phe Pro 13990	ata tat gaa act att Ile Tyr Glu Thr Ile 13995	tca tct Ser Ser	76674
tgg ata tca Trp Ile Ser 14000	aca tca tct aga ctg Thr Ser Ser Arg Leu 14005	ggg gat acc ttg gga Gly Asp Thr Leu Gly 14010	act cgc Thr Arg	76719
gca att tta Ala Ile Leu 14015	cgc gtc tgt gtg ttt Arg Val Cys Val Phe 14020	gat gga ccc tct act Asp Gly Pro Ser Thr 14025	gtt cat Val His	76764

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

Met Glu Ala His  
14040

ttg gca aat gaa	acc aaa cat gca ctt	tgg cat aat gat cac	aca	78226
Leu Ala Asn Glu	Thr Lys His Ala Leu	Trp His Asn Asp His	Thr	
14045	14050	14055		

aaa gga tta cta	cac gtt gtg ata cct	aac gcg ggg ctt att	gcg	78271
Lys Gly Leu Leu	His Val Val Ile Pro	Asn Ala Gly Leu Ile	Ala	
14060	14065	14070		

gcc gga ata gat	ccc gca tta ctg att	tta aag aaa ccc gga	caa	78316
Ala Gly Ile Asp	Pro Ala Leu Leu Ile	Leu Lys Lys Pro Gly	Gln	
14075	14080	14085		

cgc ttc aag gtt	gaa gta caa aca aga	tat cat gct aca ggt	caa	78361
Arg Phe Lys Val	Glu Val Gln Thr Arg	Tyr His Ala Thr Gly	Gln	
14090	14095	14100		

tgc gaa ccg tgg	tgt caa gtt ttc gcc	gcg tac att ccc gat	aac	78406
Cys Glu Pro Trp	Cys Gln Val Phe Ala	Ala Tyr Ile Pro Asp	Asn	
14105	14110	14115		

gcc tta aca aat	ctc tta ata cca aaa	acg gaa cca ttt gtt	tca	78451
Ala Leu Thr Asn	Leu Leu Ile Pro Lys	Thr Glu Pro Phe Val	Ser	
14120	14125	14130		

cac gtt ttt tcg	gcc acg cat aat tca	ggg gga ttg att tta	tca	78496
His Val Phe Ser	Ala Thr His Asn Ser	Gly Gly Leu Ile Leu	Ser	
14135	14140	14145		

ttg cct gtt tat	ctt agc ccc ggt tta	ttc ttt gat gca ttt	aac	78541
Leu Pro Val Tyr	Leu Ser Pro Gly Leu	Phe Phe Asp Ala Phe	Asn	
14150	14155	14160		

gtt gta gcg ata	cga ata aat act gga	aac gcg aag cac cgt	gat	78586
Val Val Ala Ile	Arg Ile Asn Thr Gly	Asn Arg Lys His Arg	Asp	
14165	14170	14175		

att tgt att atg	tat gca gaa cta atc	cca aac gga acg cgt	tat	78631
Ile Cys Ile Met	Tyr Ala Glu Leu Ile	Pro Asn Gly Thr Arg	Tyr	
14180	14185	14190		

ttt gct gat gga	caa cgg gta ctt tta	tta tgc aaa cag ctg	att	78676
Phe Ala Asp Gly	Gln Arg Val Leu Leu	Leu Cys Lys Gln Leu	Ile	
14195	14200	14205		

gcg tat atc cga	tgc acc cct cgt ctt	gca tcg tct ata aaa	ata	78721
Ala Tyr Ile Arg	Cys Thr Pro Arg Leu	Ala Ser Ser Ile Lys	Ile	
14210	14215	14220		



tac gca gag cat	atg gtg gca gcc atg	ggg gaa tca cac acg	tca	78766
Tyr Ala Glu His	Met Val Ala Ala Met	Gly Glu Ser His Thr	Ser	
14225	14230	14235		
aat ggg gac aat	att gga ccc gtt tca	tcc ata atc gat ctt	gat	78811
Asn Gly Asp Asn	Ile Gly Pro Val Ser	Ser Ile Ile Asp Leu	Asp	
14240	14245	14250		
cga cag tta act	tct gga ggt att gat	gac tcc cct gct gaa	aca	78856
Arg Gln Leu Thr	Ser Gly Gly Ile Asp	Asp Ser Pro Ala Glu	Thr	
14255	14260	14265		
cgc ata cag gaa	aat aat cgg gac gtc	ctt gag cta ata aaa	cgg	78901
Arg Ile Gln Glu	Asn Asn Arg Asp Val	Leu Glu Leu Ile Lys	Arg	
14270	14275	14280		
gcc gta aac att	gtt aac tcc agg cac	ccc gtc cga cct tct	agt	78946
Ala Val Asn Ile	Val Asn Ser Arg His	Pro Val Arg Pro Ser	Ser	
14285	14290	14295		
tcc cgc gtt gca	tct ggg ttg ctt caa	agt gca aag ggc cac	gga	78991
Ser Arg Val Ala	Ser Gly Leu Leu Gln	Ser Ala Lys Gly His	Gly	
14300	14305	14310		
gcg caa act tcc	aac aca gat ccg atc	aat aac ggt tcc ttt	gat	79036
Ala Gln Thr Ser	Asn Thr Asp Pro Ile	Asn Asn Gly Ser Phe	Asp	
14315	14320	14325		
ggc gtc ctt gag	ccg cct gga caa ggg	cga ttt acg gga aag	aaa	79081
Gly Val Leu Glu	Pro Pro Gly Gln Gly	Arg Phe Thr Gly Lys	Lys	
14330	14335	14340		
aac aat tcg tcc	gcc agc atc cca cct	tta caa gac gtt cta	ttg	79126
Asn Asn Ser Ser	Ala Ser Ile Pro Pro	Leu Gln Asp Val Leu	Leu	
14345	14350	14355		
ttt acc cca gct	tcg aca gaa ccc caa	agt ctt atg gaa tgg	ttc	79171
Phe Thr Pro Ala	Ser Thr Glu Pro Gln	Ser Leu Met Glu Trp	Phe	
14360	14365	14370		
gac atc tgt tat	gcc caa tta gtt agc	ggg gac act cca gca	gat	79216
Asp Ile Cys Tyr	Ala Gln Leu Val Ser	Gly Asp Thr Pro Ala	Asp	
14375	14380	14385		
ttc tgg aaa cgg	cgt ccc cta tca att	gta ccg cga cat tac	gca	79261
Phe Trp Lys Arg	Arg Pro Leu Ser Ile	Val Pro Arg His Tyr	Ala	
14390	14395	14400		
gaa tcc ccc agt	ccg ttg att gta gta	tct tac aac gga tcc	tct	79306

Glu Ser Pro Ser	Pro Leu Ile Val Val	Ser Tyr Asn Gly Ser Ser	
14405	14410	14415	
gcc tgg gga gga	cgt att acc gga agt	cca att tta tat cac tct	79351
Ala Trp Gly Gly	Arg Ile Thr Gly Ser	Pro Ile Leu Tyr His Ser	
14420	14425	14430	
gca cag gct att	att gat gct gcg tgt	ata aat gcc cgg gtt gac	79396
Ala Gln Ala Ile	Ile Asp Ala Ala Cys	Ile Asn Ala Arg Val Asp	
14435	14440	14445	
aat ccc caa agc	cta cat gtg aca gct	cgc caa gag cta gtc gcg	79441
Asn Pro Gln Ser	Leu His Val Thr Ala	Arg Gln Glu Leu Val Ala	
14450	14455	14460	
cgt tta ccg ttt	ttg gct aac gtc cta	aat aat caa acc ccc tta	79486
Arg Leu Pro Phe	Leu Ala Asn Val Leu	Asn Asn Gln Thr Pro Leu	
14465	14470	14475	
ccc gcc ttt aaa	cca ggc gcc gaa atg	ttt tta aac cag gta ttt	79531
Pro Ala Phe Lys	Pro Gly Ala Glu Met	Phe Leu Asn Gln Val Phe	
14480	14485	14490	
aaa caa gcg tgt	gtg aca tcg cta acc	caa ggt ctt ata acg gag	79576
Lys Gln Ala Cys	Val Thr Ser Leu Thr	Gln Gly Leu Ile Thr Glu	
14495	14500	14505	
tta caa acg aac	ccg act cta caa caa	ctc atg gaa tat gat att	79621
Leu Gln Thr Asn	Pro Thr Leu Gln Gln	Leu Met Glu Tyr Asp Ile	
14510	14515	14520	
gca gat tct tcc	caa acg gtt att gat	gaa att gta gcc cgc aca	79666
Ala Asp Ser Ser	Gln Thr Val Ile Asp	Glu Ile Val Ala Arg Thr	
14525	14530	14535	
cca gac ctg att	cag act ata gtt tcg	gtg tta acg gaa atg tca	79711
Pro Asp Leu Ile	Gln Thr Ile Val Ser	Val Leu Thr Glu Met Ser	
14540	14545	14550	
atg gat gcg ttt	tat aac agc tcc ttg	atg tat gcg gtt ttg gcg	79756
Met Asp Ala Phe	Tyr Asn Ser Ser Leu	Met Tyr Ala Val Leu Ala	
14555	14560	14565	
tat ctg tca tct	gta tat aca cga cca	caa ggt ggg ggg tat ata	79801
Tyr Leu Ser Ser	Val Tyr Thr Arg Pro	Gln Gly Gly Gly Tyr Ile	
14570	14575	14580	
ccc tac ctt cac	gct tcc ttc cca tgc	tgg tta ggt aat cgt tct	79846
Pro Tyr Leu His	Ala Ser Phe Pro Cys	Trp Leu Gly Asn Arg Ser	
14585	14590	14595	

ata tat tta ttt	gac tat tat aat tca	gga ggg gaa ata ctt	aag	79891
Ile Tyr Leu Phe	Asp Tyr Tyr Asn Ser	Gly Gly Glu Ile Leu	Lys	
14600	14605	14610		
ctt tcc aag gtc	ccc gtt ccc gta gcc	tta gaa aag gtt ggt	att	79936
Leu Ser Lys Val	Pro Val Pro Val Ala	Leu Glu Lys Val Gly	Ile	
14615	14620	14625		
ggt aat tcc aca	caa ctg agg ggt aaa	ttt ata cgc agc gcg	gat	79981
Gly Asn Ser Thr	Gln Leu Arg Gly Lys	Phe Ile Arg Ser Ala	Asp	
14630	14635	14640		
att gtt gat att	gga att tgt tct aag	tat tta ccc ggt caa	tgt	80026
Ile Val Asp Ile	Gly Ile Cys Ser Lys	Tyr Leu Pro Gly Gln	Cys	
14645	14650	14655		
tac gcg tac att	tgt cta gga ttt aac	cag caa tta caa tcc	att	80071
Tyr Ala Tyr Ile	Cys Leu Gly Phe Asn	Gln Gln Leu Gln Ser	Ile	
14660	14665	14670		
tta gtt tta ccg	ggg gga ttt gcg gca	tgt ttt tgt att acc	gat	80116
Leu Val Leu Pro	Gly Gly Phe Ala Ala	Cys Phe Cys Ile Thr	Asp	
14675	14680	14685		
acc cta cag gca	gca cta cct gca tcg	tta atc gga cct att	cta	80161
Thr Leu Gln Ala	Ala Leu Pro Ala Ser	Leu Ile Gly Pro Ile	Leu	
14690	14695	14700		
gac aga ttc tgc	ttc tct att ccc aac	ccc cat aaa taa		80200
Asp Arg Phe Cys	Phe Ser Ile Pro Asn	Pro His Lys		
14705	14710			
attagtgtca ctataaaaac ataacaccag aatctcttca tatgtaattt tacgtcattt				80260
ctcccgtttc caccctctet taaaatataa aataaccggg tgggtggcat taaaccaca				80320
agtaccggg cggcaatccg ctagactgtt tttctgctc atg gaa tta caa cgc				80374
Met Glu Leu Gln Arg				
14715				
ata ttt	ccg ctg tac acc gct	acg ggt gca gcg cgc	aaa tta acc	80419
Ile Phe	Pro Leu Tyr Thr Ala	Thr Gly Ala Ala Arg	Lys Leu Thr	
14720	14725	14730		
ccc gag	gca gtt cag aga ctc	tgc gat gca tta acg	ctg gat atg	80464
Pro Glu	Ala Val Gln Arg Leu	Cys Asp Ala Leu Thr	Leu Asp Met	
14735	14740	14745		
gga tta	tgg aag tcc atc ctg	acc gat ccc cgg gtg	aaa ata atg	80509

Gly Leu 14750	Trp Lys Ser Ile Leu 14755	Thr Asp Pro Arg Val 14760	Lys Ile Met	
cga tca Arg Ser 14765	act gct ttt ata act Thr Ala Phe Ile Thr 14770	tta agg atc gct ccg Leu Arg Ile Ala Pro 14775	ttt atc ccc Phe Ile Pro	80554
ctt caa Leu Gln 14780	acg gat act act aat Thr Asp Thr Thr Asn 14785	att gcc gtt gtt gta Ile Ala Val Val Val 14790	gcc aca att Ala Thr Ile	80599
tac atc Tyr Ile 14795	acg cgc cca cgt cag Thr Arg Pro Arg Gln 14800	atg aac tta cct ccg Met Asn Leu Pro Pro 14805	aag act ttt Lys Thr Phe	80644
cat gta His Val 14810	att gta aat ttt aat Ile Val Asn Phe Asn 14815	tac gag gtc tcg tac Tyr Glu Val Ser Tyr 14820	gca atg acg Ala Met Thr	80689
gcg act Ala Thr 14825	tta aga att tat ccg Leu Arg Ile Tyr Pro 14830	gtt gaa aac ata gac Val Glu Asn Ile Asp 14835	cat gtt ttt His Val Phe	80734
gga gca Gly Ala 14840	acg ttt aag aac ccg Thr Phe Lys Asn Pro 14845	atc gcg tac ccc ctt Ile Ala Tyr Pro Leu 14850	cca aca tct Pro Thr Ser	80779
att ccg Ile Pro 14855	gat cct cga gca gat Asp Pro Arg Ala Asp 14860	ccc acc ccc gca gat Pro Thr Pro Ala Asp 14865	ctt aca cca Leu Thr Pro	80824
acg cca Thr Pro 14870	aac tta agc aac tac Asn Leu Ser Asn Tyr 14875	tta caa ccc ccg cgg Leu Gln Pro Pro Arg 14880	ctt ccg aaa Leu Pro Lys	80869
aat cca Asn Pro 14885	tac gca tgt aaa gtt Tyr Ala Cys Lys Val 14890	att tct ccg gga gtg Ile Ser Pro Gly Val 14895	tgg tgg tca Trp Trp Ser	80914
gac gaa Asp Glu 14900	cga agg cgt tta tat Arg Arg Arg Leu Tyr 14905	gta ctg gct atg gaa Val Leu Ala Met Glu 14910	cct aat tta Pro Asn Leu	80959
ata ggg Ile Gly 14915	cta tgt ccc gcc gga Leu Cys Pro Ala Gly 14920	tgg cat gct cgg ata Trp His Ala Arg Ile 14925	ctt ggc tct Leu Gly Ser	81004
gta tta Val Leu 14930	aat cga ctc ctc agc Asn Arg Leu Leu Ser 14935	cat gcg gac gga tgt His Ala Asp Gly Cys 14940	gat gaa tgt Asp Glu Cys	81049



aat cat	aga gtt cac gtg ggg	gca ctg tat gcg tta	ccc cat gtc	81094		
Asn His	Arg Val His Val Gly	Ala Leu Tyr Ala Leu	Pro His Val			
14945	14950	14955				
aca aat	cat gcg gaa ggt tgt	gtg tgt tgg gct ccg	tgt atg tgg	81139		
Thr Asn	His Ala Glu Gly Cys	Val Cys Trp Ala Pro	Cys Met Trp			
14960	14965	14970				
aga aag	gcc ggt cag cgg gaa	tta aaa gtg gag gta	gac att ggc	81184		
Arg Lys	Ala Gly Gln Arg Glu	Leu Lys Val Glu Val	Asp Ile Gly			
14975	14980	14985				
gcc acg	cag gtt ctt ttt gta	gat gtc acc acc tgc	att cga att	81229		
Ala Thr	Gln Val Leu Phe Val	Asp Val Thr Thr Cys	Ile Arg Ile			
14990	14995	15000				
acg agt	act aaa aat cct cgc	att acc gca aat ctt	ggc gac gtt	81274		
Thr Ser	Thr Lys Asn Pro Arg	Ile Thr Ala Asn Leu	Gly Asp Val			
15005	15010	15015				
ata gcg	gga acc aac gcc agt	ggc ctc tct gta cca	gta aat tca	81319		
Ile Ala	Gly Thr Asn Ala Ser	Gly Leu Ser Val Pro	Val Asn Ser			
15020	15025	15030				
tct ggg	tgg cag ctt tat atg	ttt gga gaa aca tta	agc cgg gct	81364		
Ser Gly	Trp Gln Leu Tyr Met	Phe Gly Glu Thr Leu	Ser Arg Ala			
15035	15040	15045				
att att	aac ggc tgt ggt ctg	ctt cag cga att tgc	ttc ccc gag	81409		
Ile Ile	Asn Gly Cys Gly Leu	Leu Gln Arg Ile Cys	Phe Pro Glu			
15050	15055	15060				
aca caa	aga tta tcg ggt gaa	ccg gaa cct aca acc	acc tag	81451		
Thr Gln	Arg Leu Ser Gly Glu	Pro Glu Pro Thr Thr	Thr			
15065	15070	15075				
tataccttaa	ctcaaccgcc	gttgtggaaa	ggtatatgtc	aacattttaca	gtaatataatt	81511
aaagggttaaa	tttataaaac	actcacgttt	gtgttgtgac	ttgacgcgaa	caccgctgtg	81571
ctgtaagacc	cgtcggtaaa	tgaaaacgta	atagattcgc	ctttttacatg	atccacgtaa	81631
tttgccccaa	accactgttc	caggcgagac	ttgataccct	caaacacggg	ttccgttgct	81691
ttgcgtatat	gagccgtata	accactttta	attcctctaa	acgtggccat	tactaaagct	81751
attaatggta	caagaaacca	tgttttccca	tgtctacgtg	gtaccaaaaa	cacagttgat	81811
ttttgtttga	agtgttctaa	aacactgtca	gaaacacttg	gcgtgtttaa	cactgtacgc	81871

agaaagcagt caactctgtc ggcatgatcg cccaatagca ccgatgaaat aaaatgcgtg 81931  
 gtgtgcatga ggatcatttt ttgaaacagt tccaacgtcc cttatatct gccatagatt 81991  
 ggaacgtcaa cctttgcgcg ttgccatga ctccacact cttcaatact ctcaaaagat 82051  
 gtttccacaa ggtacgaaaa ccgttgtgta aaggtagaca actgacagaa actatccgac 82111  
 agagaaaacg cgcgaaatgt gttcataaca ccgtatacgc catttcgatg aggtgctgct 82171  
 tcttccggtg aatattcata aaactgtaca ctactgacag ctttttttaa ttcagggtt 82231  
 acgtttgcat ttaccgaata tcgccatggt ttcaaaacta cattgggggt acagttgtac 82291  
 cctgttgacg atagaaacgc gccaaacatt gcccgtcgag cagtagccga gaacagtgga 82351  
 atatatcac aacagttgtg aagcgttcca attccgggaa taacggcctg atgacgtcgg 82411  
 gttacatcta tagcaaaatt cagaaacggg atttgggttg cgtttcccag agacccttgc 82471  
 cgcggtggaac acggggtagg ggactccaac gtcccaaagc gttcatccct acgacgcttt 82531  
 agacgttcaa aatatcttac agattcttca ccaagcgtac gaccaaacad tatcaatgac 82591  
 atttaacatc aattcacgga atccgcctca tctcttgtaa gcagtaaaac aggaagccgc 82651  
 gtcattctac gtactcgtta cgtatatatc ataaacattt tcagggccgc attcattcac 82711  
 tttggtc atg tca ggc cac act cca acc tac gct tct cat agg cgt 82757  
 Met Ser Gly His Thr Pro Thr Tyr Ala Ser His Arg Arg  
 15080 15085  
 aac cgt gtc aaa cta gtt gag gcg cat aac cgc gcg ggg tta ttt 82802  
 Asn Arg Val Lys Leu Val Glu Ala His Asn Arg Ala Gly Leu Phe  
 15090 15095 15100  
 aaa gaa cgg acc ctc gat cta atc cgt ggg ggt gcg agt gta caa 82847  
 Lys Glu Arg Thr Leu Asp Leu Ile Arg Gly Gly Ala Ser Val Gln  
 15105 15110 15115  
 gat cca gca ttt gtg tat gcc ttt act gct gca aaa gag gcc tgc 82892  
 Asp Pro Ala Phe Val Tyr Ala Phe Thr Ala Ala Lys Glu Ala Cys  
 15120 15125 15130  
 gcc gat tta aat aac cag ctc cgc tct gca gct cgc ata gct tca 82937  
 Ala Asp Leu Asn Asn Gln Leu Arg Ser Ala Ala Arg Ile Ala Ser  
 15135 15140 15145  
 gtt gaa cag aag att cgt gat ata caa tcc aag gtt gag gaa caa 82982

Val 15150	Glu	Gln	Lys	Ile	Arg 15155	Asp	Ile	Gln	Ser	Lys 15160	Val	Glu	Glu	Gln	
aca	agt	att	caa	cag	att	tta	aat	aca	aac	aga	cgc	tat	ata	gca	83027
Thr 15165	Ser	Ile	Gln	Gln	Ile 15170	Leu	Asn	Thr	Asn	Arg 15175	Arg	Tyr	Ile	Ala	
ccc	gat	ttt	att	cgc	ggt	ttg	gat	aaa	aca	gaa	gac	gat	aat	acc	83072
Pro 15180	Asp	Phe	Ile	Arg	Gly 15185	Leu	Asp	Lys	Thr	Glu 15190	Asp	Asp	Asn	Thr	
gat	aat	ata	gac	aga	ctg	gaa	gac	gcg	gta	gga	ccg	aac	atc	gaa	83117
Asp 15195	Asn	Ile	Asp	Arg	Leu 15200	Glu	Asp	Ala	Val	Gly 15205	Pro	Asn	Ile	Glu	
cac	gaa	aat	cat	act	tgg	ttt	gga	gaa	gac	gac	gaa	gcg	tta	ctt	83162
His 15210	Glu	Asn	His	Thr	Trp 15215	Phe	Gly	Glu	Asp	Asp 15220	Glu	Ala	Leu	Leu	
aca	caa	tgg	atg	ctg	acg	aca	cac	ccc	cca	acc	tcc	aaa	tat	ctc	83207
Thr 15225	Gln	Trp	Met	Leu	Thr 15230	Thr	His	Pro	Pro	Thr 15235	Ser	Lys	Tyr	Leu	
caa	ctg	cag	gac	ctt	tgc	gtt	ccc	acc	aca	ata	ccg	acg	gac	atg	83252
Gln 15240	Leu	Gln	Asp	Leu	Cys 15245	Val	Pro	Thr	Thr	Ile 15250	Pro	Thr	Asp	Met	
aac	caa	atg	caa	ccg	cag	ccg	atc	agc	aag	aac	gag	aat	cca	cca	83297
Asn 15255	Gln	Met	Gln	Pro	Gln 15260	Pro	Ile	Ser	Lys	Asn 15265	Glu	Asn	Pro	Pro	
acc	cca	cac	acg	gat	gtg	taa	atcatccatg	ggccaatccg	tcaactgcaa						83348
Thr 15270	Pro	His	Thr	Asp	Val 15275										
catgcatgga	atcaccagaa	cgatcacaac	agacaagctt	atTTTTatta	aagcacggct										83408
taacgagaga	tccaatacat	caacgcgaaa	gggtggacgt	TTTTccacaa	TTtaacaaac										83468
cccatgggt	TTTTagaatt	tccaaattat	cccgTTtaat	tgtacccatc	ttcacgctca										83528
atgaacagtt	atgtTTTTct	aaattacaga	ttcgagatag	accaggttt	gcgggacggg										83588
gaacgtatgg	gcgtgttcat	atatacccat	cgtcaaaaat	agctgtaaaa	accatggaca										83648
gtcgtgtttt	taatagagag	ttaattaacg	cgattTTtagc	gagtgagggt	tctatacgag										83708
caggggaaag	gctaggtatt	tctagcatag	TTTgcctttt	aggtTTTTtcg	ttacaaacca										83768
aacagctact	gtttccggca	tacgacatgg	atatggatga	atacattgtt	cgctgtcca										83828

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5



Thr	Leu	Glu	Ser	Pro	Asn	Asp	Val	Thr	Tyr	Thr	Thr	Pro	Gly	Ser		
				15355					15360					15365		
acc	aac	gca	ctg	ttc	ttt	aag	acg	tcc	aca	cag	cct	cag	gag	ccg	84981	
Thr	Asn	Ala	Leu	Phe	Phe	Lys	Thr	Ser	Thr	Gln	Pro	Gln	Glu	Pro		
				15370					15375					15380		
cgt	ccg	gaa	gag	tta	gca	tcc	aaa	tta	acc	caa	gac	gac	att	aaa	85026	
Arg	Pro	Glu	Glu	Leu	Ala	Ser	Lys	Leu	Thr	Gln	Asp	Asp	Ile	Lys		
				15385					15390					15395		
cgt	att	cta	tta	aca	ata	gaa	tcg	gag	act	cgt	ggt	cag	ggc	gac	85071	
Arg	Ile	Leu	Leu	Thr	Ile	Glu	Ser	Glu	Thr	Arg	Gly	Gln	Gly	Asp		
				15400					15405					15410		
aat	gcc	att	tgg	aca	cta	ctc	aga	cga	aat	tta	atc	acc	gca	tca	85116	
Asn	Ala	Ile	Trp	Thr	Leu	Leu	Arg	Arg	Asn	Leu	Ile	Thr	Ala	Ser		
				15415					15420					15425		
act	ctt	aaa	tgg	agt	gta	tct	gga	ccc	gtc	att	cca	cct	cag	tgg	85161	
Thr	Leu	Lys	Trp	Ser	Val	Ser	Gly	Pro	Val	Ile	Pro	Pro	Gln	Trp		
				15430					15435					15440		
ttt	tac	cac	cat	aac	act	aca	gac	aca	tac	ggt	gat	gcg	gcg	gca	85206	
Phe	Tyr	His	His	Asn	Thr	Thr	Asp	Thr	Tyr	Gly	Asp	Ala	Ala	Ala		
				15445					15450					15455		
atg	gcg	ttt	gga	aaa	acc	aac	gaa	ccg	gcg	gca	cga	gcg	ata	gtt	85251	
Met	Ala	Phe	Gly	Lys	Thr	Asn	Glu	Pro	Ala	Ala	Arg	Ala	Ile	Val		
				15460					15465					15470		
gaa	gca	ttg	ttt	ata	gat	ccg	gct	gat	atc	cgt	act	cct	gat	cat	85296	
Glu	Ala	Leu	Phe	Ile	Asp	Pro	Ala	Asp	Ile	Arg	Thr	Pro	Asp	His		
				15475					15480					15485		
tta	acg	cca	gaa	gct	aca	act	aag	ttt	ttt	aat	ttt	gac	atg	ctc	85341	
Leu	Thr	Pro	Glu	Ala	Thr	Thr	Lys	Phe	Phe	Asn	Phe	Asp	Met	Leu		
				15490					15495					15500		
aat	acc	aaa	tct	cca	agt	ctc	ctt	gtg	ggt	aca	cca	aga	atc	gga	85386	
Asn	Thr	Lys	Ser	Pro	Ser	Leu	Leu	Val	Gly	Thr	Pro	Arg	Ile	Gly		
				15505					15510					15515		
acg	tat	gaa	tgt	gga	ctt	tta	atc	gac	gtt	cga	acg	gga	ctt	ata	85431	
Thr	Tyr	Glu	Cys	Gly	Leu	Leu	Ile	Asp	Val	Arg	Thr	Gly	Leu	Ile		
				15520					15525					15530		
ggc	gcg	tcg	ttg	gac	gtt	ctt	gta	tgt	gac	agg	gac	cct	tta	act	85476	
Gly	Ala	Ser	Leu	Asp	Val	Leu	Val	Cys	Asp	Arg	Asp	Pro	Leu	Thr		
				15535					15540					15545		

ggc acc cta aat ccc	cac cct gca gaa acc	gac att tca ttt ttt	85521
Gly Thr Leu Asn Pro	His Pro Ala Glu Thr	Asp Ile Ser Phe Phe	
15550	15555	15560	
gaa att aaa tgt cgt	gct aaa tac ctc ttt	gat cca gat gac aaa	85566
Glu Ile Lys Cys Arg	Ala Lys Tyr Leu Phe	Asp Pro Asp Asp Lys	
15565	15570	15575	
aat aac ccg ctc ggt	cgg acg tac acc acg	tta ata aat aga cct	85611
Asn Asn Pro Leu Gly	Arg Thr Tyr Thr Thr	Leu Ile Asn Arg Pro	
15580	15585	15590	
aca atg gca aat cta	cgg gac ttt tta tat	act ata aaa aac cca	85656
Thr Met Ala Asn Leu	Arg Asp Phe Leu Tyr	Thr Ile Lys Asn Pro	
15595	15600	15605	
tgt gta agc ttc ttt	gga ccc tca gca aac	cca agt aca cgc gag	85701
Cys Val Ser Phe Phe	Gly Pro Ser Ala Asn	Pro Ser Thr Arg Glu	
15610	15615	15620	
gcc tta ata acg gat	cac gtt gaa tgg aaa	cgt tta gga ttt aaa	85746
Ala Leu Ile Thr Asp	His Val Glu Trp Lys	Arg Leu Gly Phe Lys	
15625	15630	15635	
ggt ggg agg gcc ctt	aca gaa ctc gac gcc	cat cat ttg ggc ctc	85791
Gly Gly Arg Ala Leu	Thr Glu Leu Asp Ala	His His Leu Gly Leu	
15640	15645	15650	
aat cgg aca atc tca	tcc cga gtg tgg gta	ttt aat gat ccg gac	85836
Asn Arg Thr Ile Ser	Ser Arg Val Trp Val	Phe Asn Asp Pro Asp	
15655	15660	15665	
ata caa aag ggg aca	att aca acc att gca	tgg gcc act gga gat	85881
Ile Gln Lys Gly Thr	Ile Thr Thr Ile Ala	Trp Ala Thr Gly Asp	
15670	15675	15680	
acg gct ctt caa att	cct gta ttt gcc aat	ccg cgg cac gct aac	85926
Thr Ala Leu Gln Ile	Pro Val Phe Ala Asn	Pro Arg His Ala Asn	
15685	15690	15695	
ttt aaa caa att gcc	gta caa acc tat gta	tta tcc ggt tac ttt	85971
Phe Lys Gln Ile Ala	Val Gln Thr Tyr Val	Leu Ser Gly Tyr Phe	
15700	15705	15710	
cca gcg cta aaa cta	cgg ccc ttc ctt gtc	acc ttt ata gga cgt	86016
Pro Ala Leu Lys Leu	Arg Pro Phe Leu Val	Thr Phe Ile Gly Arg	
15715	15720	15725	
gtg cgc cga cca cac	gag gtg gga gtc cca	ttg cgc gtc gat aca	86061

Val Arg Arg Pro His	Glu Val Gly Val Pro	Leu Arg Val Asp Thr	
15730	15735	15740	
caa gcg gct gcc att	tac gaa tat aac tgg	ccg act atc cca ccc	86106
Gln Ala Ala Ala Ile	Tyr Glu Tyr Asn Trp	Pro Thr Ile Pro Pro	
15745	15750	15755	
cac tgt gcg gtt ccg	gtt ata gcc gtt cta	acg cct atc gaa gtt	86151
His Cys Ala Val Pro	Val Ile Ala Val Leu	Thr Pro Ile Glu Val	
15760	15765	15770	
gat gtg cct aga gtg	aca caa ata ctt aaa	gac aca gga aac aac	86196
Asp Val Pro Arg Val	Thr Gln Ile Leu Lys	Asp Thr Gly Asn Asn	
15775	15780	15785	
gcg att aca tca gca	ttg cgg tca ttg cga	tgg gac aat ctt cat	86241
Ala Ile Thr Ser Ala	Leu Arg Ser Leu Arg	Trp Asp Asn Leu His	
15790	15795	15800	
cca gcg gtc gag gag	gaa tct gtg gat tgt	gca aac ggt aca acg	86286
Pro Ala Val Glu Glu	Glu Ser Val Asp Cys	Ala Asn Gly Thr Thr	
15805	15810	15815	
agc ttg tta cgt gca	acg gag aaa ccg ttg	ctt tga actcagagtt	86332
Ser Leu Leu Arg Ala	Thr Glu Lys Pro Leu	Leu	
15820	15825		
ctttgaagac tttgactttg	atgagaatgt aacagaggac	gccgataaat ccacacaacg	86392
ccgcccacga gtgatcgatg	taacaccaaa acgaaaacct	tcgggaaaga gctcccattc	86452
caaatgcgca aaatgttaaa	ccctgataaa ccctgataaa	cggttctaata aaaacatcaa	86512
atcatgggttg gttactgtga	atgtttgttt tattgcttgg	gggtttacaa gtacaacca	86572
cgctactccc acccactggt	tgatcgctcg tataacagct	catcctcgcg gtccgtttca	86632
tatgttgagt cattttcata	gacgtagccg tagccttggtg	atgggtaatt tgtgcggcga	86692
gaatttctat gtgcaggttt	tacttttcgt atgtatcccc	gtacccgctc gggtactctt	86752
cttacggcac cgtagaaccg	actgcgtttc tgtcgatgat	acacatatgc acgcatcaat	86812
ctgagaagca acatgacaac	ggaaaacacg gccaggcaag	ccaaggttcc ccgagttgtg	86872
ggaattaacc gtggagattg	aaccgatata gggatcatata	atcggtccat atacgagtgc	86932
gcggcggttc ccaacgtagc	acaggccacg agcggttcca	gggacgggtcc tattaacacg	86992
tgtatataat gcgccaaaat	taattctgat actataagat	atacaactga caatgtacta	87052

aatgtagaca tggccacgga caccgatgac cacagtcccg tatgtagatg attcgccacc 87112  
 acaagttcca gcattaatga tacaaatagg atacatatcg ccatcaacgc agccatcaaa 87172  
 ttcacgaaca ctgcgcgcgt aggccccgca aggcgatata aaaagacgct ctgctgtcgt 87232  
 aaatttgcca ccgcttttat gttcgttttcg tccaattttc cgcggtccaca aaaatacgtt 87292  
 gtaaataatta cacttgctgc aaaatgtcca agatataatg tagcagccac gccgatttgc 87352  
 ttgtaagcta ataataacac aacggcggtt aataaccaca atgacaaaag accccaaaaa 87412  
 agtgttgtgg gatctacaac taaccatgca acaccggagc tttgccggac acgttgattt 87472  
 ttcgtttctc ggtgtataat cgcgggccgtg atcagtgtat ataccgccat ggccattgcc 87532  
 gttaaagccg tgtagtaagt aaatgccaca acgctatgtg gttccaaaaa caaaaccggg 87592  
 gcgctgtatc cacctctatt tccggaccat acccccccat ctagggtggc gttaaataac 87652  
 tcataatcaa ctacggcagc ataaaaacaa gggatcccgg tatattcaga agaggcggca 87712  
 attaacgtag ccaggagcat taccgcaccc aaagtgaaca tcatcacctg aattatccaa 87772  
 attcgccaat taagcgtatc catttgatga tctaacgctt ccacctcggg tgtcgtggtg 87832  
 tcgtacggcg agactttttc agaacgcggc cccttctttt gagttccc atg tct ccc 87889  
 Met Ser Pro

aac acc ggg gag agc aac gcc gcc gtc tat gcg tcc agt aca cag 87934  
 Asn Thr Gly Glu Ser Asn Ala Ala Val Tyr Ala Ser Ser Thr Gln  
 15830 15835 15840

ctc gcg cgg gcg tta tat gga ggg gat ctg gtt tcg tgg att aaa 87979  
 Leu Ala Arg Ala Leu Tyr Gly Gly Asp Leu Val Ser Trp Ile Lys  
 15845 15850 15855

cac acc cac ccg gga att agc ctg gaa ctg caa ttg gat gtt cca 88024  
 His Thr His Pro Gly Ile Ser Leu Glu Leu Gln Leu Asp Val Pro  
 15860 15865 15870

gta aaa cta ata aaa cct ggt atg tca caa act cgc ccg gta acc 88069  
 Val Lys Leu Ile Lys Pro Gly Met Ser Gln Thr Arg Pro Val Thr  
 15875 15880 15885

gtc gta cgt gcc cct atg ggc tct ggt aaa aca aca gcc ttg ctt 88114  
 Val Val Arg Ala Pro Met Gly Ser Gly Lys Thr Thr Ala Leu Leu  
 15890 15895 15900



gag Glu 15905	tgg Trp	ctt Leu	caa Gln	cac His	gcg Ala 15910	tta Leu	aag Lys	gca Ala	gat Asp	att Ile 15915	agc Ser	gta Val	ctg Leu	gtt Val	88159
gtc Val 15920	tca Ser	tgt Cys	cgc Arg	cgt Arg	agc Ser 15925	ttt Phe	acc Thr	cag Gln	acg Thr	ttg Leu 15930	att Ile	caa Gln	cgg Arg	ttt Phe	88204
aac Asn 15935	gat Asp	gca Ala	ggc Gly	ctc Leu	tcc Ser 15940	gga Gly	ttc Phe	gta Val	aca Thr	tat Tyr 15945	ttg Leu	aca Thr	tcc Ser	gag Glu	88249
aca Thr 15950	tat Tyr	att Ile	atg Met	ggc Gly	ttt Phe 15955	aaa Lys	cgt Arg	ttg Leu	att Ile	gtg Val 15960	caa Gln	ctt Leu	gaa Glu	agc Ser	88294
cta Leu 15965	cac His	cgc Arg	gta Val	tcc Ser	agc Ser 15970	gaa Glu	gct Ala	atc Ile	gac Asp	agc Ser 15975	tac Tyr	gac Asp	gta Val	tta Leu	88339
ata Ile 15980	ctg Leu	gat Asp	gag Glu	gta Val	atg Met 15985	tca Ser	gtg Val	att Ile	gga Gly	caa Gln 15990	tta Leu	tac Tyr	tcc Ser	ccc Pro	88384
aca Thr 15995	atg Met	aga Arg	cgt Arg	ctt Leu	tcc Ser 16000	gcg Ala	ggt Val	gat Asp	agc Ser	cta Leu 16005	tta Leu	tat Tyr	cgt Arg	ctt Leu	88429
tta Leu 16010	aat Asn	cgc Arg	tgt Cys	tct Ser	caa Gln 16015	att Ile	atc Ile	gcg Ala	atg Met	gat Asp 16020	gct Ala	aca Thr	gta Val	aac Asn	88474
tcg Ser 16025	cag Gln	ttt Phe	att Ile	gat Asp	tta Leu 16030	atc Ile	tcc Ser	gga Gly	ttg Leu	cgt Arg 16035	gga Gly	gat Asp	gaa Glu	aac Asn	88519
ata Ile 16040	cac His	aca Thr	att Ile	gtg Val	tgt Cys 16045	aca Thr	tac Tyr	gcg Ala	gga Gly	gtt Val 16050	ggg Gly	ttc Phe	tcc Ser	gga Gly	88564
aga Arg 16055	act Thr	tgc Cys	acg Thr	atc Ile	ctg Leu 16060	cgt Arg	gat Asp	atg Met	ggc Gly	atc Ile 16065	gac Asp	acg Thr	ctt Leu	gtg Val	88609
cga Arg 16070	gtc Val	att Ile	aaa Lys	cga Arg	tct Ser 16075	cct Pro	gaa Glu	cac His	gag Glu	gat Asp 16080	gta Val	cgt Arg	acc Thr	ata Ile	88654
cac	caa	cta	cgt	gga	aca	ttt	ttt	gac	gaa	cta	gca	cta	cga	tta	88699

His 16085	Gln	Leu	Arg	Gly	Thr 16090	Phe	Phe	Asp	Glu	Leu 16095	Ala	Leu	Arg	Leu	
caa	tgt	ggg	cat	aac	atc	tgt	ata	ttt	tca	tca	act	tta	tcg	ttt	88744
Gln 16100	Cys	Gly	His	Asn	Ile 16105	Cys	Ile	Phe	Ser	Ser 16110	Thr	Leu	Ser	Phe	
tcg	gag	cta	gtt	gct	cag	ttt	tgt	gca	ata	ttt	aca	gac	tct	att	88789
Ser 16115	Glu	Leu	Val	Ala	Gln 16120	Phe	Cys	Ala	Ile	Phe 16125	Thr	Asp	Ser	Ile	
ctt	att	tta	aac	tca	act	cgg	ccc	cta	tgt	aat	gta	aac	gaa	tgg	88834
Leu 16130	Ile	Leu	Asn	Ser	Thr 16135	Arg	Pro	Leu	Cys	Asn 16140	Val	Asn	Glu	Trp	
aaa	cat	ttt	cgc	gtg	ttg	gtg	tac	act	acc	gtc	gtg	acc	gtt	gga	88879
Lys 16145	His	Phe	Arg	Val	Leu 16150	Val	Tyr	Thr	Thr	Val 16155	Val	Thr	Val	Gly	
ttg	agt	ttt	gac	atg	gct	cat	ttt	cat	agc	atg	ttt	gct	tac	ata	88924
Leu 16160	Ser	Phe	Asp	Met	Ala 16165	His	Phe	His	Ser	Met 16170	Phe	Ala	Tyr	Ile	
aag	cca	atg	tca	tat	ggg	ccg	gat	atg	gta	tcg	gtc	tac	cag	tca	88969
Lys 16175	Pro	Met	Ser	Tyr	Gly 16180	Pro	Asp	Met	Val	Ser 16185	Val	Tyr	Gln	Ser	
tta	ggg	cgt	gta	cgt	tta	ttg	cta	ctt	aat	gaa	gtt	ttg	atg	tac	89014
Leu 16190	Gly	Arg	Val	Arg	Leu 16195	Leu	Leu	Leu	Asn	Glu 16200	Val	Leu	Met	Tyr	
gtc	gat	ggc	tca	agg	acc	aga	tgc	gga	ccc	ctg	ttc	tcg	cca	atg	89059
Val 16205	Asp	Gly	Ser	Arg	Thr 16210	Arg	Cys	Gly	Pro	Leu 16215	Phe	Ser	Pro	Met	
tta	cta	aac	ttt	acc	atc	gca	aat	aaa	ttt	caa	tgg	ttt	cct	aca	89104
Leu 16220	Leu	Asn	Phe	Thr	Ile 16225	Ala	Asn	Lys	Phe	Gln 16230	Trp	Phe	Pro	Thr	
cac	acc	caa	ata	act	aac	aaa	ctg	tgc	tgt	gca	ttt	agg	caa	cga	89149
His 16235	Thr	Gln	Ile	Thr	Asn 16240	Lys	Leu	Cys	Cys	Ala 16245	Phe	Arg	Gln	Arg	
tgt	gca	aat	gca	ttt	aca	cgc	tcg	aac	acc	cat	ctc	ttc	tca	aga	89194
Cys 16250	Ala	Asn	Ala	Phe	Thr 16255	Arg	Ser	Asn	Thr	His 16260	Leu	Phe	Ser	Arg	
ttt	aaa	tac	aaa	cac	ctt	ttc	gag	aga	tgc	tct	ctt	tgg	agt	tta	89239
Phe 16265	Lys	Tyr	Lys	His	Leu 16270	Phe	Glu	Arg	Cys	Ser 16275	Leu	Trp	Ser	Leu	

gcc Ala 16280	gat Asp 16285	agc Ser 16285	att Ile 16285	aat Asn 16285	atc Ile 16285	tta Leu 16290	caa Gln 16290	act Thr 16290	ctt Leu 16290	ttg Leu 16290	gcc Ala 16290	tct Ser 16290	aac Asn 16290	caa Gln 16290	89284
att Ile 16295	ttg Leu 16300	ggt Val 16300	gta Val 16300	ttg Leu 16300	gat Asp 16300	ggc Gly 16305	atg Met 16305	ggt Gly 16305	cca Pro 16305	ata Ile 16305	acg Thr 16305	gac Asp 16305	ggt Val 16305	tcc Ser 16305	89329
cca Pro 16310	ggt Val 16315	caa Gln 16315	ttt Phe 16315	tgt Cys 16315	gca Ala 16315	ttt Phe 16320	ata Ile 16320	cac His 16320	gat Asp 16320	ctc Leu 16320	aga Arg 16320	cat His 16320	agc Ser 16320	gct Ala 16320	89374
aac Asn 16325	gcc Ala 16330	gta Val 16330	gct Ala 16330	tcc Ser 16330	tgt Cys 16330	atg Met 16335	cgt Arg 16335	tct Ser 16335	ctt Leu 16335	aga Arg 16335	cag Gln 16335	gac Asp 16335	aat Asn 16335	gac Asp 16335	89419
agc Ser 16340	tgc Cys 16345	ttg Leu 16345	acc Thr 16345	gat Asp 16345	ttt Phe 16345	ggc Gly 16350	cct Pro 16350	tcc Ser 16350	gga Gly 16350	ttt Phe 16350	atg Met 16350	gcc Ala 16350	gat Asp 16350	aac Asn 16350	89464
att Ile 16355	acc Thr 16360	gcg Ala 16360	ttt Phe 16360	atg Met 16360	gaa Glu 16360	aag Lys 16365	tat Tyr 16365	ctt Leu 16365	atg Met 16365	gag Glu 16365	tca Ser 16365	att Ile 16365	aat Asn 16365	acc Thr 16365	89509
gaa Glu 16370	gaa Glu 16375	caa Gln 16375	att Ile 16375	aaa Lys 16375	gta Val 16375	ttt Phe 16380	aaa Lys 16380	gcc Ala 16380	ctt Leu 16380	gca Ala 16380	tgt Cys 16380	cca Pro 16380	ata Ile 16380	gaa Glu 16380	89554
cag Gln 16385	cct Pro 16390	aga Arg 16390	cta Leu 16390	gtc Val 16390	aat Asn 16390	acg Thr 16395	gca Ala 16395	ata Ile 16395	ttg Leu 16395	ggg Gly 16395	gcg Ala 16395	tgt Cys 16395	ata Ile 16395	cga Arg 16395	89599
ata Ile 16400	cct Pro 16405	gaa Glu 16405	gcg Ala 16405	ttg Leu 16405	gaa Glu 16405	gca Ala 16410	ttt Phe 16410	gac Asp 16410	gta Val 16410	ttt Phe 16410	caa Gln 16410	aaa Lys 16410	ata Ile 16410	tac Tyr 16410	89644
acg Thr 16415	cac His 16420	tac Tyr 16420	gct Ala 16420	tcc Ser 16420	ggt Gly 16420	tgg Trp 16425	ttt Phe 16425	ccc Pro 16425	gtc Val 16425	ctg Leu 16425	gac Asp 16425	aaa Lys 16425	acc Thr 16425	ggg Gly 16425	89689
gaa Glu 16430	ttt Phe 16435	agc Ser 16435	atc Ile 16435	gcg Ala 16435	act Thr 16435	ata Ile 16440	act Thr 16440	acc Thr 16440	gcc Ala 16440	cca Pro 16440	aat Asn 16440	tta Leu 16440	acc Thr 16440	aca Thr 16440	89734
cat His 16445	tgg Trp 16450	gag Glu 16450	ctg Leu 16450	ttt Phe 16450	cgc Arg 16450	cgt Arg 16455	tgt Cys 16455	gcc Ala 16455	tat Tyr 16455	att Ile 16455	gca Ala 16455	aaa Lys 16455	aca Thr 16455	ctc Leu 16455	89779
aag 16455	tgg 16455	aat 16455	ccg 16455	tcc 16455	acc 16455	gaa 16455	ggc 16455	tgt 16455	gta 16455	aca 16455	caa 16455	ggt 16455	ttg 16455	gat 16455	89824

Lys 16460	Trp	Asn	Pro	Ser	Thr 16465	Glu	Gly	Cys	Val	Thr 16470	Gln	Val	Leu	Asp	
acg 16475	gac	att	aat	aca	ctt 16480	ttc	aat	caa	cac	ggg 16485	gat	tcg	ctg	gct	89869
Thr 16475	Asp	Ile	Asn	Thr	Leu 16480	Phe	Asn	Gln	His	Gly 16485	Asp	Ser	Leu	Ala	
caa 16490	cta	ata	ttt	gag	gtt 16495	atg	cgc	tgt	aac	gtt 16500	act	gac	gct	aag	89914
Gln 16490	Leu	Ile	Phe	Glu	Val 16495	Met	Arg	Cys	Asn	Val 16500	Thr	Asp	Ala	Lys	
att 16505	ata	tta	aac	cgc	ccg 16510	gtt	tgg	cga	aca	acc 16515	gga	ttc	tta	gat	89959
Ile 16505	Ile	Leu	Asn	Arg	Pro 16510	Val	Trp	Arg	Thr	Thr 16515	Gly	Phe	Leu	Asp	
gga 16520	tgc	cat	aat	caa	tgc 16525	ttc	cgt	cca	atc	cct 16530	aca	aaa	cac	gaa	90004
Gly 16520	Cys	His	Asn	Gln	Cys 16525	Phe	Arg	Pro	Ile	Pro 16530	Thr	Lys	His	Glu	
tat 16535	aac	att	gct	cta	ttt 16540	cgt	tta	att	tgg	gaa 16545	caa	tta	ttt	ggc	90049
Tyr 16535	Asn	Ile	Ala	Leu	Phe 16540	Arg	Leu	Ile	Trp	Glu 16545	Gln	Leu	Phe	Gly	
gcc 16550	cgc	gta	act	aaa	agt 16555	acc	cag	acc	ttt	ccg 16560	gga	agt	act	cgt	90094
Ala 16550	Arg	Val	Thr	Lys	Ser 16555	Thr	Gln	Thr	Phe	Pro 16560	Gly	Ser	Thr	Arg	
gtg 16565	aaa	aac	cta	aaa	aaa 16570	aaa	gat	cta	gaa	act 16575	tta	ctt	gat	tca	90139
Val 16565	Lys	Asn	Leu	Lys	Lys 16570	Lys	Asp	Leu	Glu	Thr 16575	Leu	Leu	Asp	Ser	
att 16580	aac	gtg	gat	cgt	tct 16585	gca	tgt	cgt	acc	tac 16590	cgc	cag	ttg	tat	90184
Ile 16580	Asn	Val	Asp	Arg	Ser 16585	Ala	Cys	Arg	Thr	Tyr 16590	Arg	Gln	Leu	Tyr	
aac 16595	ctg	ctt	atg	agc	cag 16600	cgc	cat	tcg	ttc	tct 16605	caa	cag	cgt	tac	90229
Asn 16595	Leu	Leu	Met	Ser	Gln 16600	Arg	His	Ser	Phe	Ser 16605	Gln	Gln	Arg	Tyr	
aaa 16610	att	act	gcc	ccc	gct 16615	tgg	gca	cgc	cac	gtg 16620	tat	ttt	caa	gca	90274
Lys 16610	Ile	Thr	Ala	Pro	Ala 16615	Trp	Ala	Arg	His	Val 16620	Tyr	Phe	Gln	Ala	
cat 16625	caa	atg	cac	ttg	gcc 16630	ccg	cat	gcc	gaa	gcc 16635	atg	cta	caa	tta	90319
His 16625	Gln	Met	His	Leu	Ala 16630	Pro	His	Ala	Glu	Ala 16635	Met	Leu	Gln	Leu	
gcg 16640	cta	tcg	gaa	ctg	tcc 16645	ccg	gga	tcg	tgg	ccg 16650	cgg	ata	aac	ggg	90364
Ala 16640	Leu	Ser	Glu	Leu	Ser 16645	Pro	Gly	Ser	Trp	Pro 16650	Arg	Ile	Asn	Gly	



gcg gta aat ttt gaa agt tta taa cccgttaata ccatatatgg 90408  
 Ala Val Asn Phe Glu Ser Leu  
 16655 16660

acatccatag ggggggttac ataaatacta agcctctgta caacacaaag ggcctctaac 90468

aatgcactga accacaacca agct atg gac gca acg cag att acc ttg 90516  
 Met Asp Ala Thr Gln Ile Thr Leu  
 16665

gtt aga gaa agc gga cac att tgt gcc gca agc ata tac aca tcc 90561  
 Val Arg Glu Ser Gly His Ile Cys Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Ser  
 16670 16675 16680

tgg aca cag tcc gga caa tta aca cag aac ggt ctt tcc gtg tta 90606  
 Trp Thr Gln Ser Gly Gln Leu Thr Gln Asn Gly Leu Ser Val Leu  
 16685 16690 16695

tac tac tta tta tgc aaa aac tca tgt ggg aaa tac gtc cct aag 90651  
 Tyr Tyr Leu Leu Cys Lys Asn Ser Cys Gly Lys Tyr Val Pro Lys  
 16700 16705 16710

ttt gcc gaa att acc gta caa caa gag gat tta tgt cgc tac tcc 90696  
 Phe Ala Glu Ile Thr Val Gln Gln Glu Asp Leu Cys Arg Tyr Ser  
 16715 16720 16725

agg cat ggg ggg agt gtt tct gcg gca acg ttt gcg tct atc tgc 90741  
 Arg His Gly Gly Ser Val Ser Ala Ala Thr Phe Ala Ser Ile Cys  
 16730 16735 16740

agg gcg gcg tcc tcg gct gcg tta gac gcc tgg ccc ctt gaa cca 90786  
 Arg Ala Ala Ser Ser Ala Ala Leu Asp Ala Trp Pro Leu Glu Pro  
 16745 16750 16755

ctg ggt aac gca gac acc tgg cgt tgt ctc cat ggc act gcc ctg 90831  
 Leu Gly Asn Ala Asp Thr Trp Arg Cys Leu His Gly Thr Ala Leu  
 16760 16765 16770

gcc act tta cgg cgc gta tta ggg ttt aaa tcg ttt tat tcg cca 90876  
 Ala Thr Leu Arg Arg Val Leu Gly Phe Lys Ser Phe Tyr Ser Pro  
 16775 16780 16785

gta aca ttc gag act gat acg aat aca ggt ctt ctg tta aaa aca 90921  
 Val Thr Phe Glu Thr Asp Thr Asn Thr Gly Leu Leu Leu Lys Thr  
 16790 16795 16800

atc ccc gat gaa cac gcg ttg aat aat gac aac acg cca tct acc 90966  
 Ile Pro Asp Glu His Ala Leu Asn Asn Asp Asn Thr Pro Ser Thr  
 16805 16810 16815

gga Gly 16820	gta Val	ttg Leu	agg Arg	gct Ala	aat Asn 16825	ttt Phe	ccc Pro	gtg Val	gcc Ala	att Ile 16830	gat Asp	gtt Val	tca Ser	gca Ala	91011
gtc Val 16835	agc Ser	gca Ala	tgt Cys	aac Asn	gcc Ala 16840	cac His	acg Thr	caa Gln	ggt Gly	acg Thr 16845	tcg Ser	cta Leu	gcc Ala	tac Tyr	91056
gcc Ala 16850	cgc Arg	ctg Leu	acc Thr	gca Ala	ctt Leu 16855	aaa Lys	tct Ser	aac Asn	ggt Gly	gac Asp 16860	acc Thr	cag Gln	caa Gln	caa Gln	91101
aca Thr 16865	cct Pro	tta Leu	gac Asp	gtg Val	gag Glu 16870	gta Val	att Ile	aca Thr	cca Pro	aag Lys 16875	gcc Ala	tac Tyr	ata Ile	cgt Arg	91146
cgg Arg 16880	aaa Lys	tat Tyr	aag Lys	tct Ser	acg Thr 16885	ttt Phe	tcc Ser	ccc Pro	cct Pro	ata Ile 16890	gag Glu	cgg Arg	gaa Glu	ggc Gly	91191
caa Gln 16895	acc Thr	tcc Ser	gat Asp	ttg Leu	ttt Phe 16900	aac Asn	ctt Leu	gaa Glu	gaa Glu	cgc Arg 16905	cgc Arg	ttg Leu	ggt Val	ctt Leu	91236
agt Ser 16910	ggc Gly	aat Asn	cgc Arg	gca Ala	att Ile 16915	gtg Val	gta Val	agg Arg	gta Val	ctc Leu 16920	tta Leu	ccg Pro	tgt Cys	tat Tyr	91281
ttt Phe 16925	gac Asp	tgt Cys	tta Leu	aca Thr	acg Thr 16930	gat Asp	tcc Ser	acc Thr	ggt Val	aca Thr 16935	tct Ser	tcc Ser	ctt Leu	tca Ser	91326
ata Ile 16940	tta Leu	gca Ala	aca Thr	tat Tyr	aga Arg 16945	ctg Leu	tgg Trp	tac Tyr	gcg Ala	gcg Ala 16950	gcg Ala	ttt Phe	gga Gly	aaa Lys	91371
ccc Pro 16955	ggg Gly	ggt Val	gtc Val	cgt Arg	cca Pro 16960	atc Ile	ttt Phe	gcg Ala	tat Tyr	tta Leu 16965	ggc Gly	ccg Pro	gaa Glu	ctc Leu	91416
aat Asn 16970	ccg Pro	aag Lys	ggt Gly	gaa Glu	gac Asp 16975	aga Arg	gac Asp	tac Tyr	ttt Phe	tgt Cys 16980	act Thr	gtc Val	gga Gly	ttt Phe	91461
ccc Pro 16985	gga Gly	tgg Trp	acc Thr	act Thr	ctt Leu 16990	cgg Arg	aca Thr	caa Gln	act Thr	cca Pro 16995	gcc Ala	gtc Val	gaa Glu	tct Ser	91506
att 16995	cgc 16995	acg 16995	gct 16995	acg 16995	gag 16995	atg 16995	tac 16995	atg 16995	gaa 16995	acg 16995	gat 16995	ggg 16995	ttg 16995	tgg 16995	91551

Ile 17000	Arg	Thr	Ala	Thr	Glu 17005	Met	Tyr	Met	Glu	Thr 17010	Asp	Gly	Leu	Trp	
cca 17015	gta	acc	ggt	att	cag 17020	gcc	ttt	cat	tat	cta 17025	gcc	ccc	tgg	gga	91596
Pro	Val	Thr	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe	His	Tyr	Leu	Ala	Pro	Trp	Gly	
cag 17030	cat	ccc	ccc	tta	cct 17035	ccg	cgg	gtg	cag	gat 17040	ctt	att	ggg	caa	91641
Gln	His	Pro	Pro	Leu	Pro	Pro	Arg	Val	Gln	Asp	Leu	Ile	Gly	Gln	
atc 17045	cct	caa	gat	act	gga 17050	cat	gca	gat	gca	act 17055	gtc	aat	tgg	gac	91686
Ile	Pro	Gln	Asp	Thr	Gly	His	Ala	Asp	Ala	Thr	Val	Asn	Trp	Asp	
gcg 17060	ggc	cgg	ata	tct	acc 17065	gtc	ttc	aaa	cag	cct 17070	gta	caa	cta	caa	91731
Ala	Gly	Arg	Ile	Ser	Thr	Val	Phe	Lys	Gln	Pro	Val	Gln	Leu	Gln	
gat 17075	cgt	tgg	atg	gca	aag 17080	ttt	gat	ttc	agc	gcc 17085	ttt	ttt	ccc	acg	91776
Asp	Arg	Trp	Met	Ala	Lys	Phe	Asp	Phe	Ser	Ala	Phe	Phe	Pro	Thr	
ata 17090	tac	tgc	gct	atg	ttc 17095	ccc	atg	cat	ttt	aga 17100	tta	ggc	aaa	atc	91821
Ile	Tyr	Cys	Ala	Met	Phe	Pro	Met	His	Phe	Arg	Leu	Gly	Lys	Ile	
gtc 17105	ctg	gct	aga	atg	cgt 17110	cga	gga	atg	ggg	tgc 17115	cta	aaa	ccc	gcg	91866
Val	Leu	Ala	Arg	Met	Arg	Arg	Gly	Met	Gly	Cys	Leu	Lys	Pro	Ala	
ttg 17120	gtg	tct	ttt	ttt	ggg 17125	ggg	tta	cgg	cac	ata 17130	ctc	ccg	agt	ata	91911
Leu	Val	Ser	Phe	Phe	Gly	Gly	Leu	Arg	His	Ile	Leu	Pro	Ser	Ile	
tac 17135	aaa	gct	att	att	ttt 17140	ata	gcc	aat	gaa	att 17145	agc	ctt	tgc	gtc	91956
Tyr	Lys	Ala	Ile	Ile	Phe	Ile	Ala	Asn	Glu	Ile	Ser	Leu	Cys	Val	
gaa 17150	caa	acg	gcc	ttg	gaa 17155	cag	ggc	ttt	gct	ata 17160	tgt	act	tat	ata	92001
Glu	Gln	Thr	Ala	Leu	Glu	Gln	Gly	Phe	Ala	Ile	Cys	Thr	Tyr	Ile	
aaa 17165	gat	gga	ttt	tgg	gga 17170	atc	ttc	acc	gat	tta 17175	cat	acg	cgc	aat	92046
Lys	Asp	Gly	Phe	Trp	Gly	Ile	Phe	Thr	Asp	Leu	His	Thr	Arg	Asn	
gta 17180	tgt	tca	gat	cag	gca 17185	cgt	tgt	tcg	gcc	tta 17190	aat	tta	gcg	gcc	92091
Val	Cys	Ser	Asp	Gln	Ala	Arg	Cys	Ser	Ala	Leu	Asn	Leu	Ala	Ala	

acc Thr 17195	tgc gaa aga gca gtc Cys Glu Arg Ala Val 17200	acg ggc tta tta cga Thr Gly Leu Leu Arg 17205	att caa cta ggt Ile Gln Leu Gly	92136
ctt Leu 17210	aac ttt aca ccc gcc Asn Phe Thr Pro Ala 17215	atg gaa ccg gta ctc Met Glu Pro Val Leu 17220	cgg gtc gag ggt Arg Val Glu Gly	92181
gtg Val 17225	tac act cac gca ttt Tyr Thr His Ala Phe 17230	acc tgg tgt acc acg Thr Trp Cys Thr Thr 17235	gga agc tgg ctg Gly Ser Trp Leu	92226
tgg Trp 17240	aat tta caa aca aac Asn Leu Gln Thr Asn 17245	acg cct ccg gat tta Thr Pro Pro Asp Leu 17250	gtt ggc gtg cca Val Gly Val Pro	92271
tgg Trp 17255	cga agt cag gcg gcg Arg Ser Gln Ala Ala 17260	cga gat tta aag gag Arg Asp Leu Lys Glu 17265	cgt ctt tca gga Arg Leu Ser Gly	92316
ctc Leu 17270	cta tgt acc gca aca Leu Cys Thr Ala Thr 17275	aaa att cga gaa ccg Lys Ile Arg Glu Arg 17280	ata cag gaa aat Ile Gln Glu Asn	92361
tgc Cys 17285	ata tgg gac cat gtc Ile Trp Asp His Val 17290	cta tac gac ata tgg Leu Tyr Asp Ile Trp 17295	gcc gga caa gtt Ala Gly Gln Val	92406
gtg Val 17300	gag gct gcc aga aaa Glu Ala Ala Arg Lys 17305	aca tac gtc gat ttt Thr Tyr Val Asp Phe 17310	ttt gaa cat gtt Phe Glu His Val	92451
ttt Phe 17315	gat cgc cgt tat act Asp Arg Arg Tyr Thr 17320	ccg gta tac tgg agt Pro Val Tyr Trp Ser 17325	ctt cag gag caa Leu Gln Glu Gln	92496
aat Asn 17330	tcg gaa aca aaa gca Ser Glu Thr Lys Ala 17335	ata ccg gca tct tat Ile Pro Ala Ser Tyr 17340	ctg aca tac gga Leu Thr Tyr Gly	92541
cac His 17345	atg caa gat aag gat Met Gln Asp Lys Asp 17350	tat aaa cca aga cag Tyr Lys Pro Arg Gln 17355	ata att atg gtt Ile Ile Met Val	92586
cgt Arg 17360	aat ccc aac cca cat Asn Pro Asn Pro His 17365	gga cct cct act gtt Gly Pro Pro Thr Val 17370	gtt tac tgg gaa Val Tyr Trp Glu	92631
ttg	cta cca tcg tgt gcc	tgt att ccc ccc ata	gac tgc gct gct	92676



Leu	Leu	Pro	Ser	Cys	Ala	Cys	Ile	Pro	Pro	Ile	Asp	Cys	Ala	Ala		
17375					17380					17385						
cat	ctc	aag	ccc	ctt	ata	cac	acg	ttt	gtc	act	att	att	aac	cat	92721	
His	Leu	Lys	Pro	Leu	Ile	His	Thr	Phe	Val	Thr	Ile	Ile	Asn	His		
17390					17395					17400						
ctt	cta	gat	gct	cat	aat	gat	ttt	tca	agt	cca	tca	ttg	aaa	ttt	92766	
Leu	Leu	Asp	Ala	His	Asn	Asp	Phe	Ser	Ser	Pro	Ser	Leu	Lys	Phe		
17405					17410					17415						
act	gac	gat	ccc	ctt	gct	tca	tat	aac	ttc	ttg	ttt	tta	tga		92808	
Thr	Asp	Asp	Pro	Leu	Ala	Ser	Tyr	Asn	Phe	Leu	Phe	Leu				
17420					17425					17430						
caaaaaaaca cgccgcaaca acccatcctt aaaataaaag gtttatattac tttaacaacc 92868																
gtggtgaatt ttatatacgtt tcaaataact gaacatTTTT cggtgttacc atggtgcgat 92928																
ttaaccacca aaaatatacg ctcttctgat attccgaatc tcgtaaaggc ccatTTaaca 92988																
atccccggggg tacttgcacc acaccatctg gacagggggg ggTtccgtgg ggcaggTcaa 93048																
aacgctgacc caccCCacat gaatatatag cttttataat attggggggc gttccaggct 93108																
gagggttcag taacttaaca aacatataat gcggcaatac gcgggtTTTT gttaaagggt 93168																
tgTtatcaac gacatacatt agagtgttta acaaccataa aactccctca tataaaaacc 93228																
gacgcatttt ttccaaaggc cctatttgac actcaacgcg tctaagatat acagacaatt 93288																
gtacaaacag cgatggagat gccccggagg gcccaatgcc ttccagatac attaaaataa 93348																
cacataaggc aaaatctagg acattatccg ggcggaatag agtcatccga tagattaaca 93408																
ggcgcgagg caccCCcacc gtatacacc tatcttcaac cgagttaat acggaaaaaa 93468																
taaatccgcg gaacgctggc tgagtaacac actccatgta gtaacgatca caggacacct 93528																
cacttgaatc accattcaac actactaaaa cggtctcttg gtgttccggc tttaCgcgca 93588																
gtgatacaac agagtttgcc aaaaagcgtg gcttcaaacc ggTtacctcc cgcgccctcg 93648																
atacgaatct tggtattgct tgtattctaa gatcttcgat cacgtcgctc acatccaacc 93708																
cctcttcggc tcgtgttagt aagttgtcga tcgttacgct gcaacctaaa atgctgggta 93768																
tatttatcc ggacatccca tcggccatcc ccgcgcctcc ggTtgctcg aattttatcc 93828																
agtaaggctc aatccgctgc atttaccttg tgtaccgta acctctcagg ggggtgtcct 93888																

ttcataaaat gggatagggtt tttatatcca acatgcatgt attgggttatt tattttattg 93948  
ggttccggga ttctttcgtc atctttctgta gggtcaggca aaccccagga aggacttggt 94008  
gttctccgtg ggccccgttt tattacctct gcgcgaacct gcatttcata taatattcgg 94068  
atttgggata aataggactc tgttctcgcc tttttaaaaa tagcctggca taactcttcc 94128  
tctgacctat gtacctcgct ttgagttacc aagaatccta atcgggtggc ccgtaatatg 94188  
aatgaaaaat acggcgcaac tagtaatgag attgacgcat ttgaatatga tacagaaatt 94248  
tcctggcctt gattattgtt tacccggtga agcttaaaac agcgaacaag ttcctgtttc 94308  
catagctcag acaaacgttt tatatcatct ccataagggg ggatataacg agattgaaaa 94368  
ctattggcaa tatatgcac atcccctatt atgccggtaa gatctataac ctcgtgattt 94428  
aatcggcaa tacgtgtttc ttctgccatt gtaatatgtg accctttaga tggctttatt 94488  
tttaccctct cttcccgtaa ccgtttcagc tctccttctt tgaactggag cttttcggtc 94548  
agatcgctgt tcacatcctt gagaccctca atggttttga ataaattatt cacataacc 94608  
tcgagcatgc cgttgatact gttaaccacc gaagttttta acgcactttg aacgtttgtt 94668  
gttccggaca ttgccccccc gttaaaggat tggttggcct tgccaaacc cggttgtgat 94728  
gtgtccaccg atccacttcc ttccagaatg tgattgcccg tttcttctag ataggaacgt 94788  
acggtttcgg taatatctcc aacatgtctc atgtttttta agttaactat tagctttaca 94848  
agtctagacg cggccgatcc agcccgtgtt gtatcgttct cgccattat acgatcaacc 94908  
gcacgtgtgc tgtgagatct atcatcttca ttccggcgac ctattaacac gcgcaaaggg 94968  
gctgtattta aaacttggca gacgcgagca tgttcacgta atgcataaca ggccaacacc 95028  
tccccagaaa gccgctgtaa gggtgagtca aatactacac cctccccaca tacaacgggc 95088  
ggccacacga ccaaacactc tccttcatg cccgttacat catcctttgc cataattaat 95148  
cttcggttat aattataata aagacgcgtc ctatcataat ccataatagc aacattttgc 95208  
atacactcaa ctaggcttgt gacaaccgcc gctcctctgg ccaacgttgc atcggcaact 95268  
tttaacatct gggacagttc tgccgcttga cccatatacg tatttaatgg tgcaggggtt 95328  
ccattctgtt ctgatcgta ctttcttaca acgggcacaa tacctacaca ggctatccag 95388

tccacgtatt	tggcaaaacc	gacccttcca	tttaaaccac	tggtatagag	acaaccggtt	95448									
attccacgca	gaaactcaag	taacgatgac	tgtaatgttt	gacgccaggt	ttcaaaaacc	95508									
tgatgtgcaa	gccgtacggc	ttctgattct	ccacatagcc	cataacgttc	cgctagagcc	95568									
ccggcatgca	ggttacattg	ttggatgtgg	tgttcccaat	ctgctgctag	gtcctcatac	95628									
cgagttgcat	ccaacgcggt	catcaaaacg	gttgcctgaa	cttggcgaat	tacagtttcc	95688									
gtagaccgta	cagcgctata	tatgccttgt	ccatcggtat	atccaaagtc	accggctagg	95748									
atttttcgaa	acaacatact	ttgcgtgggt	gggtgtatta	acatccagcc	atcttcctcc	95808									
ggaaatgtac	aaaaccctat	atccggggcg	tactcattcc	agtatatatc	gaacatgttc	95868									
ttgtattggt	catttgggtt	acttccattc	aagccctggt	caatagaaac	agaacttgct	95928									
atcctttttt	cttcactacc	ggaactgtta	ttaaaaagag	acgttatattc	ggccattgaa	95988									
aaccacg	atg	aaa	aga	tca	att	tct	gta	gac	agt	tct	tca	ccc	aaa	96034	
	Met	Lys	Arg	Ser	Ile	Ser	Val	Asp	Ser	Ser	Ser	Pro	Lys		
			17435					17440					17445		
aac	gtt	ttt	aat	cca	gag	acg	ccc	aat	gga	ttt	gat	gac	agt	gta	96079
Asn	Val	Phe	Asn	Pro	Glu	Thr	Pro	Asn	Gly	Phe	Asp	Asp	Ser	Val	
				17450					17455					17460	
tat	tta	aac	ttc	acc	tct	atg	cat	agc	att	caa	cct	atc	ctc	tca	96124
Tyr	Leu	Asn	Phe	Thr	Ser	Met	His	Ser	Ile	Gln	Pro	Ile	Leu	Ser	
				17465					17470					17475	
cgg	att	cga	gaa	ctt	gcc	gca	att	acg	att	cca	aaa	gaa	cgt	gtt	96169
Arg	Ile	Arg	Glu	Leu	Ala	Ala	Ile	Thr	Ile	Pro	Lys	Glu	Arg	Val	
				17480					17485					17490	
ccg	cgg	ttg	tgt	tgg	ttt	aaa	cag	tta	ctc	gaa	ctg	caa	gcg	cct	96214
Pro	Arg	Leu	Cys	Trp	Phe	Lys	Gln	Leu	Leu	Glu	Leu	Gln	Ala	Pro	
				17495					17500					17505	
cct	gaa	atg	cag	agg	aat	gag	ctc	ccc	ttc	tcc	gtt	tat	tta	att	96259
Pro	Glu	Met	Gln	Arg	Asn	Glu	Leu	Pro	Phe	Ser	Val	Tyr	Leu	Ile	
				17510					17515					17520	
agc	gga	aat	gcc	ggc	tcc	gga	aaa	agc	acg	tgt	atc	caa	acg	ctt	96304
Ser	Gly	Asn	Ala	Gly	Ser	Gly	Lys	Ser	Thr	Cys	Ile	Gln	Thr	Leu	
				17525					17530					17535	
aac	gaa	gct	atc	gat	tgc	att	att	acc	gga	tcc	acc	agg	gtt	gct	96349

Asn Glu Ala Ile Asp	Cys Ile Ile Thr Gly	Ser Thr Arg Val Ala	
17540	17545	17550	
gcc caa aat gtt cat	gct aag tta tca acg	gct tat gcg agt cgt	96394
Ala Gln Asn Val His	Ala Lys Leu Ser Thr	Ala Tyr Ala Ser Arg	
17555	17560	17565	
ccg ata aac aca atc	ttt cat gaa ttt ggt	ttt cgc gga aat cac	96439
Pro Ile Asn Thr Ile	Phe His Glu Phe Gly	Phe Arg Gly Asn His	
17570	17575	17580	
att cag gct cag ctg	ggc cgt tac gca tat	aac tgg act acg acc	96484
Ile Gln Ala Gln Leu	Gly Arg Tyr Ala Tyr	Asn Trp Thr Thr Thr	
17585	17590	17595	
ccc cct tct att gag	gac ctg caa aaa aga	gat att gta tac tac	96529
Pro Pro Ser Ile Glu	Asp Leu Gln Lys Arg	Asp Ile Val Tyr Tyr	
17600	17605	17610	
tgg gaa gtt tta att	gat ata aca aaa cga	gtg ttt caa atg ggg	96574
Trp Glu Val Leu Ile	Asp Ile Thr Lys Arg	Val Phe Gln Met Gly	
17615	17620	17625	
gac gac ggt cgc gga	gga aca tcg aca ttt	aaa acc ctg tgg gca	96619
Asp Asp Gly Arg Gly	Gly Thr Ser Thr Phe	Lys Thr Leu Trp Ala	
17630	17635	17640	
att gaa cgt ttg ctt	aat aaa cct aca ggc	tca atg tcc gga acc	96664
Ile Glu Arg Leu Leu	Asn Lys Pro Thr Gly	Ser Met Ser Gly Thr	
17645	17650	17655	
gcg ttt atc gca tgc	ggt tcc ctt ccg gct	ttt acc cgg agc aac	96709
Ala Phe Ile Ala Cys	Gly Ser Leu Pro Ala	Phe Thr Arg Ser Asn	
17660	17665	17670	
gtt att gtt att gat	gaa gca gga ttg cta	ggg cgt cat att ctc	96754
Val Ile Val Ile Asp	Glu Ala Gly Leu Leu	Gly Arg His Ile Leu	
17675	17680	17685	
acg gcc gtt gtt tac	tgt tgg tgg ctt ttg	aat gct ata tat caa	96799
Thr Ala Val Val Tyr	Cys Trp Trp Leu Leu	Asn Ala Ile Tyr Gln	
17690	17695	17700	
agc cct cag tac ata	aac ggt cga aaa ccg	gtc ata gta tgc gtc	96844
Ser Pro Gln Tyr Ile	Asn Gly Arg Lys Pro	Val Ile Val Cys Val	
17705	17710	17715	
ggt tcg ccc acc caa	act gac tcg tta gaa	tct cat ttt caa cat	96889
Gly Ser Pro Thr Gln	Thr Asp Ser Leu Glu	Ser His Phe Gln His	
17720	17725	17730	



gac atg cag cgt tca Asp Met Gln Arg Ser 17735	cac gta act cct agt His Val Thr Pro Ser 17740	gaa aat ata ctc acg Glu Asn Ile Leu Thr 17745	96934
tat ata atc tgc aat Tyr Ile Ile Cys Asn 17750	caa act ctg cgt caa Gln Thr Leu Arg Gln 17755	tat act aac atc tca Tyr Thr Asn Ile Ser 17760	96979
cat aac tgg gca atc His Asn Trp Ala Ile 17765	ttt att aat aac aaa Phe Ile Asn Asn Lys 17770	cga tgt caa gag gac Arg Cys Gln Glu Asp 17775	97024
gat ttt gga aat ctt Asp Phe Gly Asn Leu 17780	tta aaa acg ctt gag Leu Lys Thr Leu Glu 17785	tac ggg cta cct att Tyr Gly Leu Pro Ile 17790	97069
acc gaa gca cat gcg Thr Glu Ala His Ala 17795	cgt ctg gtc gat aca Arg Leu Val Asp Thr 17800	ttt gtt gta cct gca Phe Val Val Pro Ala 17805	97114
tcc tat att aac aat Ser Tyr Ile Asn Asn 17810	cct gct aat ctt ccc Pro Ala Asn Leu Pro 17815	gga tgg acg cgt ctg Gly Trp Thr Arg Leu 17820	97159
tat tcg tcg cat aag Tyr Ser Ser His Lys 17825	gag gtg agc gcg tat Glu Val Ser Ala Tyr 17830	atg agt aag tta cac Met Ser Lys Leu His 17835	97204
gcg cat tta aaa cta Ala His Leu Lys Leu 17840	tcg aaa aat gac cat Ser Lys Asn Asp His 17845	ttt tct gtg ttt gcc Phe Ser Val Phe Ala 17850	97249
tta ccg act tat aca Leu Pro Thr Tyr Thr 17855	ttc atc cgg cta acg Phe Ile Arg Leu Thr 17860	gca ttt gat gaa tac Ala Phe Asp Glu Tyr 17865	97294
cgc aaa tta acg gga Arg Lys Leu Thr Gly 17870	caa ccc gga ctt tct Gln Pro Gly Leu Ser 17875	gtt gaa cat tgg ata Val Glu His Trp Ile 17880	97339
cgg gca aac tcc ggt Arg Ala Asn Ser Gly 17885	cgt ttg cac aat tat Arg Leu His Asn Tyr 17890	tcc caa agc cga gat Ser Gln Ser Arg Asp 17895	97384
cat gac atg gga aca His Asp Met Gly Thr 17900	gtt aaa tac gaa aca Val Lys Tyr Glu Thr 17905	cat tca aat cgc gac His Ser Asn Arg Asp 17910	97429
tta att gta gcc cgt 17915	aca gac atc act tac 17920	gtg cta aat agt ctc 17925	97474

Leu Ile Val Ala Arg	Thr Asp Ile Thr Tyr	Val Leu Asn Ser Leu	
17915	17920	17925	
gta gtt gta acc aca	aga cta cgt aag tta	gtt att gga ttc agt	97519
Val Val Val Thr Thr	Arg Leu Arg Lys Leu	Val Ile Gly Phe Ser	
17930	17935	17940	
ggt aca ttt caa tcg	ttt gca aag gtt tta	cgt gac gac tcc ttt	97564
Gly Thr Phe Gln Ser	Phe Ala Lys Val Leu	Arg Asp Asp Ser Phe	
17945	17950	17955	
gtg aag gct cga gga	gag aca tcc atc gaa	tat gct tac cgg ttt	97609
Val Lys Ala Arg Gly	Glu Thr Ser Ile Glu	Tyr Ala Tyr Arg Phe	
17960	17965	17970	
ctg tca aac cta atc	ttt gga ggc ttg att	aac ttt tac aat ttt	97654
Leu Ser Asn Leu Ile	Phe Gly Gly Leu Ile	Asn Phe Tyr Asn Phe	
17975	17980	17985	
ttg tta aat aaa aac	cta cat ccc gat aag	gta tcg tta gca tac	97699
Leu Leu Asn Lys Asn	Leu His Pro Asp Lys	Val Ser Leu Ala Tyr	
17990	17995	18000	
aaa cgg tta gct gcc	tta acc ctg gag tta	ttg tct gga aca aac	97744
Lys Arg Leu Ala Ala	Leu Thr Leu Glu Leu	Leu Ser Gly Thr Asn	
18005	18010	18015	
aaa gcc ccc tta cac	gaa gca gcg gtt aat	ggg gcg ggt gcc ggg	97789
Lys Ala Pro Leu His	Glu Ala Ala Val Asn	Gly Ala Gly Ala Gly	
18020	18025	18030	
att gac tgt gat ggt	gca gct act tct gcc	gat aaa gcc ttc tgc	97834
Ile Asp Cys Asp Gly	Ala Ala Thr Ser Ala	Asp Lys Ala Phe Cys	
18035	18040	18045	
ttt acc aaa gcc ccc	gag tcc aaa gta acg	gcc tcc ata ccc gaa	97879
Phe Thr Lys Ala Pro	Glu Ser Lys Val Thr	Ala Ser Ile Pro Glu	
18050	18055	18060	
gac ccg gat gat gta	att ttt acg gca ctt	aac gac gag gtt att	97924
Asp Pro Asp Asp Val	Ile Phe Thr Ala Leu	Asn Asp Glu Val Ile	
18065	18070	18075	
gac ttg gta tac tgc	cag tac gaa ttt tcc	tat ccc aaa tca tcc	97969
Asp Leu Val Tyr Cys	Gln Tyr Glu Phe Ser	Tyr Pro Lys Ser Ser	
18080	18085	18090	
aat gag gtc cat gct	cag ttt ctg tta atg	aaa gct att tac gat	98014
Asn Glu Val His Ala	Gln Phe Leu Leu Met	Lys Ala Ile Tyr Asp	
18095	18100	18105	

ggt cga tat gcc ata	tta gca gag ctt ttc	gaa agc agc ttt aca	98059
Gly Arg Tyr Ala Ile	Leu Ala Glu Leu Phe	Glu Ser Ser Phe Thr	
18110	18115	18120	
acc gcc ccc ttt agc	gcg tat gtc gat aat	gtt aat ttc aac gga	98104
Thr Ala Pro Phe Ser	Ala Tyr Val Asp Asn	Val Asn Phe Asn Gly	
18125	18130	18135	
agc gag ctt ttg atc	ggc aat gtg cgg ggg	ggg ctg tta tct ttg	98149
Ser Glu Leu Leu Ile	Gly Asn Val Arg Gly	Gly Leu Leu Ser Leu	
18140	18145	18150	
gca tta caa aca gat	acg tat acc ctt ttg	ggg tat act ttt gca	98194
Ala Leu Gln Thr Asp	Thr Tyr Thr Leu Leu	Gly Tyr Thr Phe Ala	
18155	18160	18165	
ccc gtg cca gtc ttt	gta gag gaa ctg acc	cga aaa aag ctg tac	98239
Pro Val Pro Val Phe	Val Glu Glu Leu Thr	Arg Lys Lys Leu Tyr	
18170	18175	18180	
cgc gaa act acc gaa	atg tta tat gct cta	cac gta cct ctt atg	98284
Arg Glu Thr Thr Glu	Met Leu Tyr Ala Leu	His Val Pro Leu Met	
18185	18190	18195	
gtc tta cag gat caa	cat ggg ttt gtg tcc	atc gta aac gct aac	98329
Val Leu Gln Asp Gln	His Gly Phe Val Ser	Ile Val Asn Ala Asn	
18200	18205	18210	
gta tgt gaa ttt acc	gag tct ata gag gat	gca gaa ttg gca atg	98374
Val Cys Glu Phe Thr	Glu Ser Ile Glu Asp	Ala Glu Leu Ala Met	
18215	18220	18225	
gcc acc acg gtg gac	tat ggc ctt agt tct	aaa cta gcc atg aca	98419
Ala Thr Thr Val Asp	Tyr Gly Leu Ser Ser	Lys Leu Ala Met Thr	
18230	18235	18240	
att gca cgc tca cag	ggt ctg agt tta gag	aag gta gct atc tgt	98464
Ile Ala Arg Ser Gln	Gly Leu Ser Leu Glu	Lys Val Ala Ile Cys	
18245	18250	18255	
ttt acg gcg gat aaa	ctg cgc cta aat agt	gtg tat gtt gcc atg	98509
Phe Thr Ala Asp Lys	Leu Arg Leu Asn Ser	Val Tyr Val Ala Met	
18260	18265	18270	
tcg cgt acg gtc tcc	tct agg ttc tta aaa	atg aat cta aac cct	98554
Ser Arg Thr Val Ser	Ser Arg Phe Leu Lys	Met Asn Leu Asn Pro	
18275	18280	18285	
cta cgg gaa cga tat	gaa aaa tcc gca gaa	att agc gat cac att	98599

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5



atttcacagg cggttcataac caagctgcgg cggatgggtg cggttaattg tctccgcca 100021  
agttcgtcaa tagatgatac catgaacaac gtatcaaattg gtacatagtc gtcttttggtt 100081  
ttctcaatac agcccgcgtg cccaatcgga aatttttcat ttgcatcaac gctattttct 100141  
gtaaaatcgt tctgaacact gtgttggctg gctacctgtt taaaatttgg gatcgaacac 100201  
ggtccacgat gcaatcccca accccattga agcaatgccg tcggtacgga aggaggcaac 100261  
tccgaaaaca ttatggtagc caagagggtc gattggagtg ttatataaca ctccaatcga 100321  
tctcgggttc gcctttacgc gtaaaatact cattggcttg aacgaaatgt cgacaattcc 100381  
gaaatggaac acgggacaat ggcgacggat gcgcgtgtgt tagcaccaga tgacatcttg 100441  
aattcgggttg ggttgtcttc tgtgcatgcg caccacacag cataaaaact aaccctgtac 100501  
ggttctcgca taacctctgt agcacgcgtt gcaccagccg ccccgagcct aagtatacat 100561  
gcgaccccgagg agtcccgcga cgaaccgtaa gcgtgggtatt cagcaataac accccctgcc 100621  
ttgccaact ctccaggcat ccgtgagtgg gcggagtcatt atttgggtat gattccatga 100681  
gggcccga aaataatattta agactagacg gtgggtgttat gccacgtttt acactaaacg 100741  
ctagcccatg tgcattgtccc gcggtagggt atggatcttg accaataatt acaacgcgaa 100801  
tgctctgggg tccgcaaaat cgcgccatg caaaaatatc gcctgtagat ggaagtatct 100861  
cttcccctga atttaaaaga cgattgtatt ctaaaaaaat acctttcgcg tacggctctt 100921  
taagttcgtc cgacaacagg tcataccact caggggaaat gttaaacttg ctgaaaactt 100981  
caaccgaatc cagttgcgaa gagacggggg tgaacgtttc cgtgtcgtaa tgatgtgaca 101041  
tgttatttaa cttgaagggt ggggggtcta gcttaacccc caaaggcagc ccgcggggtc 101101  
gcttgccgggt ttttttggtt accggatggg ccaaaacata aatgtccttt gaatccgata 101161  
gtttcatctt attggcatac gcgttggaac aaacggtcgg ctccccagac acatccattt 101221  
tccgggatat ttgtggaaga tggagtagag tctaccata caccggaaag ggcattccaac 101281  
aaagcatcgc gtatgtcccc gcttttatgt tcttcacca cagattgtgc cagccccttt 101341  
aaggtgacgt atggatttgt ccagtagcc atttgtttgt ctttaaacca aagtataact 101401  
tccggtactg gacattttgt ctttaaccag attcccata gcgcctcgct gaggtttgat 101461

accgggggtg ccgcatagtc ccacgcctca tataccgatg acacgcacgg ttccgttata 101521  
atcaaactca catccgatag cggtttggct ccaaaaaaca acggagtgtc gtcttggaga 101581  
tgaagacaat acgcgattgt gatagttttt aaaaaaacta tctgcagtaa ccatttatgt 101641  
gatgccatga cgcttgtgtt ttcccttcac tacgacgttg tcgtatcctt tgaaaaactt 101701  
gaccactcta atggaagcat ggacaagtat gagttttata tatacagttg gccttttagtt 101761  
aaactcttgg tgtcataatct cattttccta aaaagggcga tcttaatatg tcaaacgtca 101821  
cggcgtgccg acaaagcgaa ttcccatgca agatttggat gtagtattta tacaccaat 101881  
cacatgtcac gtattaagct ttacagtccc ccgttatctg atataatcac ttttcttaac 101941  
acgtcatcgg gaaaacagat gtttatatta tacctctcgc ggtcatttac ggcaaatact 102001  
tagaccgttt tcaagcggac tgaaaacgct caaattgcct ttggaggcc tgcccaacgg 102061  
ccattatccc ttggatctaa gattgatttg cggtaacgtt tgccaatcaa gctttaaaaa 102121  
cgtaccccaa acttaaaacg ctcaaattgc cttttggagg cctgccaac ggccattatc 102181  
ccttggatct gagattgatt tacggtaacg ttgccaac ccacgcattt cagtttaaat 102241  
atttctaagc attcttagtg cgtacttggc agcgtgctta aaatatcaac caatatccat 102301  
tatgctacac gtttccttct atccgtttca atccattaaa agtccattaa caaaaatgat 102361  
gcatcatacc taattcacct aaaaacctga ctattgcag cagcgtttcc tccttgcaga 102421  
ctatccagtt ggcatthtaa acgggtccgg ctgcctaaac cgaaaacacc gttgccttta 102481  
ctgtaagtac aaaactaaaa ttatatattg cgtgcgtatt ttgtaacata tatgcctttt 102541  
atccccccgc aagtttgctt taccctcgcc ttaccaccc ccgccacctt ccggccattt 102601  
taataacttt aattgctata agacataccc aaaccggatg atttttgccg ctggaaaaac 102661  
agcttctaata tttcccgtct caactcggcc ttggttgcac ctccaagtat accttttagtt 102721  
tgctcccgtg gaggtgtata aatacaaacg gtgacaagta ttgagcgtaa tctcaaattt 102781  
ttgtaattta gggcggagcg cttacgacag cacatgcgta ctgttagact gttatgttta 102841  
ttgtatttgc agagcaggat gccccggtta ctccgagacc ggattgcggg cattccgaat 102901  
cgtgtacgga cttaccaggg ggcagtattt acaccttggg ttccagatat accaaccctt 102961

acgaccaata gcaacactca ggtatTTTTa aaatgcacgt ttaatgatca taattttacat 103021  
acagttggta ataaagcaga ctgtggatgt ttaaggcatt tccttcccc tcccaacaaa 103081  
ctaggacttc ttcattttgt ttggaatacc tttacccgct ttaccggcag agcttttttt 103141  
ggtaagggtgt ttcagtgaac ctgatgttga tccggagggtg gaggggggtat tggactcccc 103201  
ctgtggagag gcaactttgc gggTTTTact tcccttacat gccgaatcag actcagatgt 103261  
caggtctatt gttaagcatc gtttaacgtc tctgccggta tgaaataaac ggcgcttagc 103321  
accccttgcg cttcccgggtt taatccccgg taacacagaa aaaagcctga ctttttgggg 103381  
tgtatttacc aatcgggtat ccctttcatc gccacgagag gtctccccgg ttgaggtggt 103441  
ttctggctctt acaattggac ctgtaattag ttggatggct gtatctttcc aggtccaggt 103501  
ttgcatgggtt aggcggttg gatcggtaca tcgatccaac aagaataaca tgtttggttac 103561  
aaacggtcct gttgaatcat gcaaaagaca acgcagggat gtttttaatc ccgcctcatc 103621  
acgcccgtaa atacctatat agtttaatat caacattttt gtaggctcta caatttcggg 103681  
ttgatacagt tccgcaagtt gatcatcaag ccatccgagt aaagggttga tgtaacacgg 103741  
gaatctcgcg tttccctctg ttcctctatc cgtggctcga aaaggcagtc tgtccatggt 103801  
tcgtgggtct tgattaattc ccacagatac tggacgatca cggtagtcct gcccccggt 103861  
ccgggggtgc tgtgcagatt caatcgagcc atacaccacc ggggtcgccg atcgaacagc 103921  
aggttggtct ttaaaaaata ctttccgtaa aaatgatgcg gtagagcatg ttttggttac 103981  
accagggtc gagtctcggg tcggtggttg tatagaatcc tgttgagagt cacttggtga 104041  
ctctgctgtg ggctctctag ccgacgattg aaggggcca gggtttggtg attgaatggg 104101  
ctcccgactc gatcttgatg ttggctgttg gatggactcc cgactcggtc ctgggcttgg 104161  
tggcagaaga tctatgacat ctcccggtag gatgtcgatg gaatcttcaa atgacggctc 104221  
agaaaaacca tcgtcgtcgg atgggtgcac ttcataattc ttgtaacttg tatcacttac 104281  
gatcttatgc aggatggatt gcactggaca ccggcagaga ggacactgga cgctgggtgga 104341  
ggtccatgcc cgaatacaaa caaagcagaa gtcgtgcaaa cacggcatgg tttttccgag 104401  
atcggaacg gtgctcatgc atatggtgca ggtattatcc gaagcgtcgg aggtgccgct 104461

accgcccgt aatatggtat ccatggtaac aactggctgt attctaattgt ccgggcatcc 104521  
aaacacgtag cagaactgcc atgcgttcta aattgtgagt tgtggcgagt acatttttat 104581  
aattggtacc aacgaagaca caccctata tccctccacc catttctttt aagtcccacc 104641  
cactaaaacg tgggtataaa atgtgtattg gggtaggcgg acagtcccaa caaacaggga 104701  
agttgattgg tataaccttg ggccgggtat acagctaagt gacatttttag attctgtctt 104761  
tatttagata aagagcgata cgaagacatt tctccacccc cctgtaatac ccgtaaataa 104821  
aggtaagtcc acaaacaaaa gcactgtata taggaagtcg ggtgtattgg gacagttact 104881  
ccattagagg cgtacaaaca atactgggat agggtaatgc aagtcccccc cgatggtcgc 104941  
cccgcaaacg cgcggggagg tggggtcgct tttttttttc tctctcgagg gggccgcgag 105001  
agggctggcc tcctctcccg ggggtccgccg ggcgcccaga aaccgggggg gggttatttt 105061  
cggggggggg tccgaccagc ccgcccgtcg cccgcccga cagacagaca gacacttttt 105121  
tcataaaaac cgttccgctt ttattaacaa caaacagtcc gcgcgccagt ggcgctcacg 105181  
agaaaaggag gggactccgt ccccccgac tctgcggggg gtcctcccc ccgcgccctc 105241  
cccacacatc gtcctcgtcc tcggaggacg aggacgagga caacagctcc accttgaccg 105301  
ccgggcgcaa acccaccg cggtctcgca gcacaccg ggccaccgac acgatgctca 105361  
cccaaagga tgaccccggt gcgtccccgt cgtccccgcc cccctcctcg ctgtcccacg 105421  
cgtcttcaca cccacctcc caatcgtcca gtcctaaagc gtgttctctg tcgtctgcgg 105481  
tgcgccgctg tcgccccgcc tgggtttctg acggccgttc cgagcccccg tgggtgtccga 105541  
acacgaaccg tgttccgtcg ctcccctcca acaccgtctc cgcgggccca aaaccgggcg 105601  
gccacattac tctgggaatc ggggggaggg cattccgagc ctcgtccgcc gacgcataca 105661  
gcgccaccga ccgaccggcc acgggtggaa gcacgagtgg ttctgcggca gggtcgggtt 105721  
ccagcagggc gtggcggcaa aacaccctcg cccaggtggg tacgtcgccg gcctccggcc 105781  
cggcgggccc cggtctccgt ccctcgggaa ggaagacggg tcgaagcgcg gcaccaggc 105841  
cccatcggtt tgctgcgcgg tggctatgtg ccgcctcgtc caciaagtgc gctgccccga 105901  
gccccagacc ccgagactgt cgcgcgaggt ccttgcaacc gtcaaaacc ggcagcacgt 105961



actgccggta ttcacggggc gacaggggga cgcgggtctt ggggcccgcg cgggtacaca 106021  
cgggtgtatgc gacgttccca ccgcggcaca aacacagggg ttgttcgccc ggggtacaggt 106081  
tggcaaacgc agtctcgata cgagcaaaac tcgctggccc aaaggtgcgc gacgatgcaa 106141  
acacggccccg ggcgagtcct tctgtgaccg ccgagtctgg ccatcggacg acggcctggg 106201  
cgtccgggtcg cgccggggcc cggacgtaca cgtgatactg agacaaagcg ggtccatccc 106261  
tggggccacct ctcgagggcc accgcgtcca acaccagcaa ccggcgccgg gcagaggcca 106321  
accgcgagcc tagatactcg acggccccgg caaaggccag gtctcgggtc gacagtaata 106381  
aaacgccccg ggcgttcaaa gcggacacgt ccggcggggc ggtccagttc ccggcccagg 106441  
catgagtgtc cggcaggcac aaccggttac tcagggtgc caggaccaca gacagtcccc 106501  
ctcgggatgg actccatgac ggtcccggat ctgtcgcgag ggtgctctcg agggggccgt 106561  
tgatgtcctc tccgggcaac ggatcgtaga tgatcagaag cctcacatcc tccgggtctg 106621  
ggatctgccg catccaggcg cacctccgtc gcagcgctc cactccgctg ggtggaccaa 106681  
accgtcggtc tcctccgccc ggacgccgag cggcgatttc cgccaaggcg ccgggatcaa 106741  
agcttagcgc agggcgccag gccgtgggaa acaatgggtc gtcgaccaga cgggcgatgg 106801  
tttcgggggt acagtacgcc ttgcgagcct ggtccgacgg gaccggggta tgcagggccc 106861  
cccggggaat acgccgaaat ccccggtttg gggccgggtcc gtcaagtggc atcgttatta 106921  
cggcgggggg atccaccaca gggcccaggg tgatggtcac gggctcggat accgcctct 106981  
tggccttgga aaccacatga tcgtctgcaa ccggggcgtc cgcgacgggt gtctccctaa 107041  
tcttgctcag gaggttctg ctctcgactg gctgggactt gcgcttgcg gcgagttcgta 107101  
aacgatcatc cgggtggacac acagaaagag agcgtgcggc ggccgacggc tgagggtcgg 107161  
gagcctgtgt ggccgggggtt gttggagaag ggtgaccgcg ggagatccgc gccgccggac 107221  
tggagcccgt tgcctcgggg tatgccatgc tggcaaaggc tctgcggaga ctctgtagga 107281  
taaagtgttt ttgggcccgg tcgtatcgac ggctcatagc cacggccgcg gccgcgtggg 107341  
ggagagccca gagggcctcc cccgtggcca tggcttcgcc tacatgcgga acgggagacg 107401  
ctacgctccc cgtaacggcg gtaccgccc gtcccgggtg caacagcttt tggtagaact 107461

ggttcagggc cgagttgaca ccggtcagct tggggttctg gagccatgct atagggtctc 107521  
tgtctggaca gtagatcagg ttaatcagcg cgcggtactg tctagccgga tctcccaact 107581  
ccggcacgta aagcggcacg ggttccgttg aggcctcgta acgagcccgc gccgctctca 107641  
cagcctcatc ctcccagtga ccctctctgg tctccccgga cggtccaaac cgcaccctgt 107701  
tggatgggag gggtgccgat ccgggccaag ggcttccgtc gggcatcatg agcggccccg 107761  
acaccggggg aattatcggg gttctggatc gcggcaggga aaatgatttc tgtctctggc 107821  
gccccgggtc ccccgcaaga cgtttggtct tacgaatcct cggatcggga ccgctgatgg 107881  
atcgatatcc cggttggata ttttgtttcg tcgaccacc atcatttgag tccgaatcat 107941  
ccgaatttga cggggaaggg gcgtgttcgc gtccggacct gctgcctgta gtttcacttc 108001  
ccaccgaaac gcgccggggg tcatcgtctt catcctccga tgacgatccc cacgacgagg 108061  
aagaggatga agacgaaaca aactcacgac tctttggctt tttctccact gggctgtcat 108121  
cctcaatcgg gtctgggtgcg tgggatcttc ccggcagggc caaaaacgct ctaggtttgc 108181  
ccccgacga acgtccaggg acgcgaggtg ttataccccg ggcatcatgt ttccttgggc 108241  
gggtatcatc ggtctcaaac ggcaggtccg cttttgcccc cttagcggga acgctgtccg 108301  
aaaggacgtg gtacaattgc tcaaccgggc cgggtacagg tccaccgggt ttccgcgccg 108361  
ggagtgggac cttaaccttc aaagtctttt tcttcgggct ctttccctga gcgggccggt 108421  
gagttttctg gagaactact ccgtcccccg atgcatgcgc atgaccgct tgctcatcgc 108481  
ccggcttttt acccgagatg gactgagttt gtctgtctcg atggaccacc gacggcaaac 108541  
ctgggtgaatt tcctctcgtc gtttgtcggg gtatagaccg ctgggtcttc cgttgatcgt 108601  
tcccggcggc gtctccaaca ggagacgcgg gggatacagg ggagaaggcc tgcgggaacg 108661  
gaggggtcgt acctctgccc gtttccccat cgttcatcgg tggttttgga gacctagcaa 108721  
gcttcgttcc gagagagact gtctcaaggg agcgatcggc tcctgttggt tctcgcgcg 108781  
cggcctccga gaatcgggtg tggaagacct cggccagcgg gattacaggc gagccatta 108841  
gatcctgacc gtcctcgcac acgtagtcgt cttgtgttag ctcttcgcca acatcttccg 108901  
ttctgggttc tggttgaagt cccgatacgg aggggaattga aacgatctcg tgttcccgtc 108961

ccaccatgac cccgttctct ccaaatagta gatcgtcagg ctgactcgag gtgaccaccc 109021  
gggccctgtg ttcggcggcc gccgcggccg cgtccaacag gtccattaac tccaaagtat 109081  
caggcgaccc cgcgcgttgg ggtgtagagc gctgcatcgg cggcgtatcc atcgactgg 109141  
ggtgaattta gacgtacccg agttttccaa acgctctcgc agccttcaaa ggattgcat 109201  
tgcggttggg gagggagttc caacagtact taaaacgtgt tgtgcccccc cctcgaccgc 109261  
atatctcctc cccgtgtcgt caccgtgtaa atatcttaa tgataagacg atgtagtgat 109321  
tggaacgagac tcgaggcggg aagttcatgg accatagtat gcgtttaagg agagaccgct 109381  
ggttggcgtg gtacgcccgg tgtctatctc cgcatacctt acaacatcat aacaagggat 109441  
accagacatg tgaatttcat ttacatatgt ttaaataaca accaatcatc gtgtgtctac 109501  
agacgatata taatatacat aaacacaatt ggggttgtct cacatgcaaa acatcttata 109561  
taacacgggt tgtttccacc catccggcat ctagttaatc aaatgcacgt cgacggtgtg 109621  
tttgggtccc tctccgtcgt cattacgttc gcgcaatcaa caagcgtata caccaccacc 109681  
cctcccaacg attatgtcag gcggcacgaa gcccgcgata acccataaaa tacacacggg 109741  
gttgtggtgt tcacgtaacc ccccgccgat ggggaggggg cgcggtaccc cgccgatggg 109801  
gagggggcgc ggtacccgc cgatggggag ggggcgcggt accccgccga tggggagggg 109861  
gcgcggtacc ccgccgatgg ggagggggcg cggtaccccg ccgatgttta taaccataat 109921  
tctctaaacc gttgtagaaa atcacaaaaa aatttattca aaaacaagtc gaagaacttc 109981  
atatctgagg catgtaaacc cgttcgcact tcctgggggtg gaatgggggtg ggggtggggg 110041  
gtgaaaaagg ggggggggta aattgggcgt ccgcatgtct gtggtgtacg ccaatcggat 110101  
acactctttt gatctgcatt cgcacttccc gttttttcac tgtatgggtt ttcatgtttt 110161  
ggcatgtgtc caaccaccgt tcgcactttc tttctatata tatatatata tatatatata 110221  
tatatagaga aagagagaga gtttcttggt cgcgcggtgt cccgcgatgt cgcggtttta 110281  
tgggggtgtg gcgggctttt cacagaatat atatattcca aatggagcgg caggcttttt 110341  
aaaatcgatt tgacgtgata aaaaaaaca cacggggccc cccctttttt ttggtgttat 110401  
aaaggcaacc caatcgaagg tctcccgcgc cggaatcccc cattgccatt ttaccaagt 110461

agccttattc atagatgtaa acgtttgggt gtgtgttttg ttgtgcaggg ttcgtccgat 110521

tcataacgcg acagcgtcga gtcggtttta agggaaaagg ttactacggc cccaaggac 110580

atg ttt	tgc acc tca ccg gct	acg cgg ggc gac tcg	tcc gag tca	110625
Met Phe	Cys Thr Ser Pro Ala	Thr Arg Gly Asp Ser	Ser Glu Ser	
18315	18320	18325		

aaa ccc	ggg gca tcg gtt gat	gtt aac gga aag atg	gaa tat gga	110670
Lys Pro	Gly Ala Ser Val Asp	Val Asn Gly Lys Met	Glu Tyr Gly	
18330	18335	18340		

tct gca	cca gga ccc ctg aac	ggc cgg gat acg tcg	cgg ggc ccc	110715
Ser Ala	Pro Gly Pro Leu Asn	Gly Arg Asp Thr Ser	Arg Gly Pro	
18345	18350	18355		

ggc gcg	ttt tgt act ccg ggt	tgg gag atc cac ccg	gcc agg ctc	110760
Gly Ala	Phe Cys Thr Pro Gly	Trp Glu Ile His Pro	Ala Arg Leu	
18360	18365	18370		

gtt gag	gac atc aac cgt gtt	ttt tta tgt att gca	cag tcg tcg	110805
Val Glu	Asp Ile Asn Arg Val	Phe Leu Cys Ile Ala	Gln Ser Ser	
18375	18380	18385		

gga cgc	gtc acg cga gat tca	cga aga ttg cgg cgc	ata tgc ctc	110850
Gly Arg	Val Thr Arg Asp Ser	Arg Arg Leu Arg Arg	Ile Cys Leu	
18390	18395	18400		

gac ttt	tat cta atg ggt cgc	acc aga cag cgt ccc	acg tta gcg	110895
Asp Phe	Tyr Leu Met Gly Arg	Thr Arg Gln Arg Pro	Thr Leu Ala	
18405	18410	18415		

tgc tgg	gag gaa ttg tta cag	ctt caa ccc acc cag	acg cag tgc	110940
Cys Trp	Glu Glu Leu Leu Gln	Leu Gln Pro Thr Gln	Thr Gln Cys	
18420	18425	18430		

tta cgc	gct act tta atg gaa	gtg tcc cat cga ccc	cct cgg ggg	110985
Leu Arg	Ala Thr Leu Met Glu	Val Ser His Arg Pro	Pro Arg Gly	
18435	18440	18445		

gaa gac	ggg ttc att gag gcg	ccg aat gtt cct ttg	cat agg agc	111030
Glu Asp	Gly Phe Ile Glu Ala	Pro Asn Val Pro Leu	His Arg Ser	
18450	18455	18460		

gca ctg	gaa tgt gac gta tct	gat gat ggt ggt gaa	gac gat agc	111075
Ala Leu	Glu Cys Asp Val Ser	Asp Asp Gly Gly Glu	Asp Asp Ser	
18465	18470	18475		

gac gat	gat ggg tct acg cca	tcg gat gta att gaa	ttt cgg gat	111120
---------	---------------------	---------------------	-------------	--------



Asp Asp 18480	Asp Gly Ser Thr Pro 18485	Ser Asp Val Ile Glu Phe Arg Asp 18490	
tcc gac Ser Asp 18495	gcg gaa tca tcg gac Ala Glu Ser Ser Asp 18500	ggg gaa gac ttt ata Gly Glu Asp Phe Ile 18505	gtg gaa gaa 111165 Val Glu Glu
gaa tca Glu Ser 18510	gag gag agc acc gat Glu Glu Ser Thr Asp 18515	tct tgt gaa cca gac Ser Cys Glu Pro Asp 18520	ggg gta ccc 111210 Gly Val Pro
ggc gat Gly Asp 18525	tgt tat cga gac ggg Cys Tyr Arg Asp Gly 18530	gat ggg tgc aac acc Asp Gly Cys Asn Thr 18535	ccg tcc cca 111255 Pro Ser Pro
aag aga Lys Arg 18540	ccc cag cgt gcc atc Pro Gln Arg Ala Ile 18545	gag cga tac gcg ggt Glu Arg Tyr Ala Gly 18550	gca gaa acc 111300 Ala Glu Thr
gcg gaa Ala Glu 18555	tat aca gcc gcg aaa Tyr Thr Ala Ala Lys 18560	gcg ctc acc gcg ttg Ala Leu Thr Ala Leu 18565	ggc gag ggg 111345 Gly Glu Gly
ggt gta Gly Val 18570	gat tgg aag cga cgt Asp Trp Lys Arg Arg 18575	cga cac gaa gcc ccg Arg His Glu Ala Pro 18580	cgc cgg cat 111390 Arg Arg His
gat ata Asp Ile 18585	ccg ccc ccc cat ggc Pro Pro Pro His Gly 18590	gtg tag tctttataaa taaatacaat Val	111437
ggtttggctc gtgtcttttt ttgatgtctg tctgtggggg agtggggtgt tgtggatatt 111497			
agagggtaga gggtgctggt ttgaacgtct ccattaaccc acggggtccc cacacgggcc 111557			
gtgtggt 18605	atg aat ctc tgc Met Asn Leu Cys 18595	gga tcc cgc ggt gag Gly Ser Arg Gly Glu 18600	cac ccg ggc ggt 111603 His Pro Gly Gly
gaa Glu 18605	tat gcc gga ctt tac Tyr Ala Gly Leu Tyr 18610	tgc aca cga cac gat Cys Thr Arg His Asp 18615	acc ccc gcg cac 111648 Thr Pro Ala His
cag Gln 18620	gct ctc atg aac gac Ala Leu Met Asn Asp 18625	gcc gaa cgg tac ttc Ala Glu Arg Tyr Phe 18630	gcc gcc gcg cta 111693 Ala Ala Ala Leu
tgc Cys 18635	gcc ata tct acc gag Ala Ile Ser Thr Glu 18640	gcc tac gag gct ttt Ala Tyr Glu Ala Phe 18645	ata cac agc ccc 111738 Ile His Ser Pro

tcc gag aga ccg tgc gcg agt ttg tgg ggg agg gca aag gac gcc 111783  
 Ser Glu Arg Pro Cys Ala Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala  
 18650 18655 18660

ttc gga cgg atg tgc ggg gag ctc gca gcg gat aga caa cgt cca 111828  
 Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro  
 18665 18670 18675

ccc tcg gtt ccg ccg atc cgc aga gcg gtg tta tcg tta tta cgc 111873  
 Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg  
 18680 18685 18690

gag caa tgc atg ccg gat cca caa tcg cat ctg gag ctc agc gag 111918  
 Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser His Leu Glu Leu Ser Glu  
 18695 18700 18705

cgg ctg ata ttg atg gca tat tgg tgc tgt ttg gga cac gcc gga 111963  
 Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys Leu Gly His Ala Gly  
 18710 18715 18720

ctt ccg act att gga ttg tcg ccc gat aat aaa tgc atc cgc gcc 112008  
 Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys Cys Ile Arg Ala  
 18725 18730 18735

gaa tta tat gac cgc ccc ggg gga att tgt cac agg ctt ttt gac 112053  
 Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg Leu Phe Asp  
 18740 18745 18750

gcg tac ctg ggc tgc ggg tcc ctt gga gtc cca aga acc tac gag 112098  
 Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr Tyr Glu  
 18755 18760 18765

aga tcc tga caccccatcc ctttatatag aaaaaaaaaa taaatttaaa 112147  
 Arg Ser  
 18770

acatacacccg gataaaagcg tactgttttt tattttaatt tacacgctcg gcgttgcccc 112207

ggttcggtga tcaccgggtc ttatctatat acaccgtgta actcgaaccc ccgtgactcc 112267

ctccaatcgc gttaccaaac tcttcttccg tatccgtaga ttccgagtcc tcgaaatcgt 112327

ccacttatcc aacaatttgt gacgttatat atcccaaggc aaaggccgct cccgtcatag 112387

caaatacaaa gacaattatt agcgtaatat aacagaattt ttacgatga tatattttat 112447

gttgatattt tccaattcga cgcaaaaatt catctgccgt ttcattttcg ctatcactat 112507

aataacactt ttcagccgaa cggctcgggt gtatggctgt tatcgttgta ttatttggtt 112567

gcgctcgcg gggtaccacc gcttccatca gtaaggccac ggcctcacc tccatggtgt 112627  
 tttgtccggc catagaaatc cagattgtaa ggccagcagg ctagttttaa agtggtttaat 112687  
 accacacctt ttgatattta tatacatgca agattctaga ttattcatca ataggtcggt 112747  
 taaagcgcg tttcataaac gttgtcagct ataccgacat tctcacaag aggtaaagtt 112807  
 accttacgtt attattaaat aaaacatgta gacattatta ataatcctag gaacaatcaa 112867  
 atccatattt gtaagttatg ttttaaccct cccctttttg tcattatctc cgccctctta 112927  
 taatcggatc actttataag tgtgtcgggtg agtatatttt gtacagttgt tggacaacag 112987  
 gtttttggtt cattaacact atcaacataa gtcgggggtat acaagtata atg aac gac 113045  
 Met Asn Asp

gtt gat gca aca gac acc ttt gtt gga caa gga aag ttc cgt ggc 113090  
 Val Asp Ala Thr Asp Thr Phe Val Gly Gln Gly Lys Phe Arg Gly  
 18775 18780 18785

gcc atc tca aca tca ccg tca cat att atg caa aca tgt ggg ttt 113135  
 Ala Ile Ser Thr Ser Pro Ser His Ile Met Gln Thr Cys Gly Phe  
 18790 18795 18800

ata caa cag atg ttt cca gtt gaa atg tcg ccc ggc ata gaa tct 113180  
 Ile Gln Gln Met Phe Pro Val Glu Met Ser Pro Gly Ile Glu Ser  
 18805 18810 18815

gag gat gat ccc aat tat gac gtt aac atg gat ata cag tct ttt 113225  
 Glu Asp Asp Pro Asn Tyr Asp Val Asn Met Asp Ile Gln Ser Phe  
 18820 18825 18830

aat ata ttt gat ggt gta cac gaa act gaa gcc gaa gcc tct gtg 113270  
 Asn Ile Phe Asp Gly Val His Glu Thr Glu Ala Glu Ala Ser Val  
 18835 18840 18845

gca ttg tgc gca gaa gca cgc gtt gga att aat aaa gcg gga ttt 113315  
 Ala Leu Cys Ala Glu Ala Arg Val Gly Ile Asn Lys Ala Gly Phe  
 18850 18855 18860

gta ata tta aaa acg ttt aca cca ggg gcg gaa ggt ttt gcg ttt 113360  
 Val Ile Leu Lys Thr Phe Thr Pro Gly Ala Glu Gly Phe Ala Phe  
 18865 18870 18875

gcg tgt atg gac agt aaa aca tgt gaa cat gtg gtc att aaa gcg 113405  
 Ala Cys Met Asp Ser Lys Thr Cys Glu His Val Val Ile Lys Ala  
 18880 18885 18890

ggt caa cgt caa gga acg gcc acc gag gca acc gtg tta aga gcg 113450  
 Gly Gln Arg Gln Gly Thr Ala Thr Glu Ala Thr Val Leu Arg Ala  
 18895 18900 18905

tta acc cac cca tcc gtt gta cag ctt aaa gga acg ttt acg tat 113495  
 Leu Thr His Pro Ser Val Val Gln Leu Lys Gly Thr Phe Thr Tyr  
 18910 18915 18920

aac aaa atg aca tgt ctt ata tta cca cgt tac cga aca gat tta 113540  
 Asn Lys Met Thr Cys Leu Ile Leu Pro Arg Tyr Arg Thr Asp Leu  
 18925 18930 18935

tac tgc tat cta gct gca aag cgc aac ctc ccc ata tgt gac att 113585  
 Tyr Cys Tyr Leu Ala Ala Lys Arg Asn Leu Pro Ile Cys Asp Ile  
 18940 18945 18950

tta gca att cag cga tct gta tta cgc gcg tta cag tat ctt cat 113630  
 Leu Ala Ile Gln Arg Ser Val Leu Arg Ala Leu Gln Tyr Leu His  
 18955 18960 18965

aat aac agt att att cac cgt gat ata aaa tct gaa aat ata ttt 113675  
 Asn Asn Ser Ile Ile His Arg Asp Ile Lys Ser Glu Asn Ile Phe  
 18970 18975 18980

att aac cac cca ggt gat gtt tgt gtg gga gac ttt gga gca gcg 113720  
 Ile Asn His Pro Gly Asp Val Cys Val Gly Asp Phe Gly Ala Ala  
 18985 18990 18995

tgt ttc ccc gtg gat att aat gcc aac agg tat tat ggc tgg gct 113765  
 Cys Phe Pro Val Asp Ile Asn Ala Asn Arg Tyr Tyr Gly Trp Ala  
 19000 19005 19010

gga aca atc gcc aca aac tct cct gag tta ttg gct aga gat cca 113810  
 Gly Thr Ile Ala Thr Asn Ser Pro Glu Leu Leu Ala Arg Asp Pro  
 19015 19020 19025

tat gga cct gcc gtg gac ata tgg agt gcc ggg att gta tta ttt 113855  
 Tyr Gly Pro Ala Val Asp Ile Trp Ser Ala Gly Ile Val Leu Phe  
 19030 19035 19040

gaa atg gct aca gga cag aac tcg tta ttt gaa cga gac ggt tta 113900  
 Glu Met Ala Thr Gly Gln Asn Ser Leu Phe Glu Arg Asp Gly Leu  
 19045 19050 19055

gat ggc aat tgt gac agt gag cgt caa att aaa ctt att ata cga 113945  
 Asp Gly Asn Cys Asp Ser Glu Arg Gln Ile Lys Leu Ile Ile Arg  
 19060 19065 19070

cga tct gga act cat ccc aat gaa ttt ccc att aac cct aca tca 113990



Arg	Ser	Gly	Thr	His	Pro	Asn	Glu	Phe	Pro	Ile	Asn	Pro	Thr	Ser
19075					19080					19085				
aat	ctt	cgt	cga	caa	tac	att	ggt	ttg	gca	aaa	cgg	tct	tct	cga
Asn	Leu	Arg	Arg	Gln	Tyr	Ile	Gly	Leu	Ala	Lys	Arg	Ser	Ser	Arg
19090					19095					19100				
aaa	ccc	gga	tcc	agg	cca	ttg	tgg	aca	aat	cta	tat	gag	ttg	cca
Lys	Pro	Gly	Ser	Arg	Pro	Leu	Trp	Thr	Asn	Leu	Tyr	Glu	Leu	Pro
19105					19110					19115				
att	gat	ttg	gag	tat	ttg	ata	tgt	aag	atg	tta	tcg	ttt	gac	gca
Ile	Asp	Leu	Glu	Tyr	Leu	Ile	Cys	Lys	Met	Leu	Ser	Phe	Asp	Ala
19120					19125					19130				
cgt	cat	cga	cca	tca	gca	gag	gtg	ttg	ctt	aac	cac	tct	ggt	ttc
Arg	His	Arg	Pro	Ser	Ala	Glu	Val	Leu	Leu	Asn	His	Ser	Val	Phe
19135					19140					19145				
caa	act	ctt	ccc	gat	cca	tat	cca	aat	cca	atg	gaa	ggt	gga	gat
Gln	Thr	Leu	Pro	Asp	Pro	Tyr	Pro	Asn	Pro	Met	Glu	Val	Gly	Asp
19150					19155					19160				
taa aattcattaa gcctgttaat aaaatattgt ataaattgtg tttataacgt														114268
ataacccggtt aaggcaaata gggtacaaac gcgcaatggt ttgaaatact aatataaata														114328
acataaccaa tagaaactta atacagagtc acgccccatt acaacaagga taaaacacgg														114388
gatcattttc ttaacattgt agtagcgctg aaaagcgtcc cctcccccggt ctcacagagc														114448
tgctcttcgg tgtagttggg tatactgggtg cgcctcattt aatcgcg atg ttt tta														114504
														Met Phe Leu
														19165
atc	caa	tgt		ttg	ata	tcg	gcc	gtt	ata	ttt	tac	ata	caa	gtg
Ile	Gln	Cys		Leu	Ile	Ser	Ala	Val	Ile	Phe	Tyr	Ile	Gln	Val
		19170						19175						19180
aac	gct	ttg		atc	ttc	aag	ggc	gac	cac	gtg	agc	ttg	caa	gtt
Asn	Ala	Leu		Ile	Phe	Lys	Gly	Asp	His	Val	Ser	Leu	Gln	Val
		19185						19190						19195
agc	agt	ctc		acg	tct	atc	ctt	att	ccc	atg	caa	aat	gat	aat
Ser	Ser	Leu		Thr	Ser	Ile	Leu	Ile	Pro	Met	Gln	Asn	Asp	Asn
		19200						19205						19210
aca	gag	ata		aaa	gga	cag	ctt	gtc	ttt	att	gga	gag	caa	cta
Thr	Glu	Ile		Lys	Gly	Gln	Leu	Val	Phe	Ile	Gly	Glu	Gln	Leu
		19215						19220						19225

acc ggg aca Thr Gly Thr 19230	aac tat agc gga aca Asn Tyr Ser Gly Thr 19235	ctg gaa ctg tta tac Leu Glu Leu Leu Tyr 19240	gcg gat 114729 Ala Asp
acg gtg gcg Thr Val Ala 19245	ttt tgt ttc cgg tca Phe Cys Phe Arg Ser 19250	gta caa gta ata aga Val Gln Val Ile Arg 19255	tac gac 114774 Tyr Asp
gga tgt ccc Gly Cys Pro 19260	cgg att aga acg agc Arg Ile Arg Thr Ser 19265	gct ttt att tcg tgt Ala Phe Ile Ser Cys 19270	agg tac 114819 Arg Tyr
aaa cat tcg Lys His Ser 19275	tgg cat tat ggt aac Trp His Tyr Gly Asn 19280	tca acg gat cgg ata Ser Thr Asp Arg Ile 19285	tca aca 114864 Ser Thr
gag ccg gat Glu Pro Asp 19290	gct ggt gta atg ttg Ala Gly Val Met Leu 19295	aaa att acc aaa ccg Lys Ile Thr Lys Pro 19300	gga ata 114909 Gly Ile
aat gat gct Asn Asp Ala 19305	ggt gtg tat gta ctt Gly Val Tyr Val Leu 19310	ctt gtt cgg tta gac Leu Val Arg Leu Asp 19315	cat agc 114954 His Ser
aga tcc acc Arg Ser Thr 19320	gat ggt ttc att ctt Asp Gly Phe Ile Leu 19325	ggt gta aat gta tat Gly Val Asn Val Tyr 19330	aca gcg 114999 Thr Ala
ggc tcg cat Gly Ser His 19335	cac aac att cac ggg His Asn Ile His Gly 19340	gtt atc tac act tct Val Ile Tyr Thr Ser 19345	ccg tct 115044 Pro Ser
cta cag aat Leu Gln Asn 19350	gga tat tct aca aga Gly Tyr Ser Thr Arg 19355	gcc ctt ttt caa caa Ala Leu Phe Gln Gln 19360	gct cgt 115089 Ala Arg
ttg tgt gat Leu Cys Asp 19365	tta ccc gcg aca ccc Leu Pro Ala Thr Pro 19370	aaa ggg tcc ggt acc Lys Gly Ser Gly Thr 19375	tcc ctg 115134 Ser Leu
ttt caa cat Phe Gln His 19380	atg ctt gat ctt cgt Met Leu Asp Leu Arg 19385	gcc ggt aaa tcg tta Ala Gly Lys Ser Leu 19390	gag gat 115179 Glu Asp
aac cct tgg Asn Pro Trp 19395	tta cat gag gac gtt Leu His Glu Asp Val 19400	gtt acg aca gaa act Val Thr Thr Glu Thr 19405	aag tcc 115224 Lys Ser
gtt gtt aag 19410	gag ggg ata gaa aat 19415	cac gta tat cca acg 19420	gat atg 115269

Val Val Lys Glu Gly Ile Glu Asn His Val Tyr Pro Thr Asp Met  
 19410 19415 19420

tcc acg tta ccc gaa aag tcc ctt aat gat cct cca gaa aat cta 115314  
 Ser Thr Leu Pro Glu Lys Ser Leu Asn Asp Pro Pro Glu Asn Leu  
 19425 19430 19435

ctt ata att att cct ata gta gcg tct gtc atg atc ctc acc gcc 115359  
 Leu Ile Ile Ile Pro Ile Val Ala Ser Val Met Ile Leu Thr Ala  
 19440 19445 19450

atg gtt att gtt att gta ata agc gtt aag cga cgt aga att aaa 115404  
 Met Val Ile Val Ile Val Ile Ser Val Lys Arg Arg Arg Ile Lys  
 19455 19460 19465

aaa cat cca att tat cgc cca aat aca aaa aca aga agg ggc ata 115449  
 Lys His Pro Ile Tyr Arg Pro Asn Thr Lys Thr Arg Arg Gly Ile  
 19470 19475 19480

caa aat gcg aca cca gaa tcc gat gtg atg ttg gag gcc gcc att 115494  
 Gln Asn Ala Thr Pro Glu Ser Asp Val Met Leu Glu Ala Ala Ile  
 19485 19490 19495

gca caa cta gca acg att cgc gaa gaa tcc ccc cca cat tcc gtt 115539  
 Ala Gln Leu Ala Thr Ile Arg Glu Glu Ser Pro Pro His Ser Val  
 19500 19505 19510

gta aac ccg ttt gtt aaa tag aactaattat cccggatttt atattaaata 115590  
 Val Asn Pro Phe Val Lys  
 19515

aactatatgc gttttattta gcgttttgat tacgcgttgt gatatgaggg gaaggattaa 115650

gaatctccta actataagtt aacacgcca catttgggcg gggatgtttt atgaagcctt 115710

aaaggccgag ctggtataca cgagagcagt ccatggtttt agacctcggg cgaattgcgt 115770

ggttttaagt gactatatcc cgagggtcgc ctgtaat atg ggg aca gtt aat 115822  
 Met Gly Thr Val Asn  
 19520

aaa cct gtg gtg ggg gta ttg atg ggg ttc gga att atc acg gga 115867  
 Lys Pro Val Val Gly Val Leu Met Gly Phe Gly Ile Ile Thr Gly  
 19525 19530 19535

acg ttg cgt ata acg aat ccg gtc aga gca tcc gtc ttg cga tac 115912  
 Thr Leu Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Ala Ser Val Leu Arg Tyr  
 19540 19545 19550

gat gat ttt cac acc gat gaa gac aaa ctg gat aca aac tcc gta 115957

Asp Asp 19555	Phe His Thr Asp Glu 19560	Asp Lys Leu Asp Thr 19565	Asn Ser Val
tat gag Tyr Glu 19570	cct tac tac cat tca Pro Tyr Tyr His Ser 19575	gat cat gcg gag tct Asp His Ala Glu Ser 19580	tca tgg gta 116002 Ser Trp Val
aat cgg Asn Arg 19585	gga gag tct tcg cga Gly Glu Ser Ser Arg 19590	aaa gcg tac gat cat Lys Ala Tyr Asp His 19595	aac tca cct 116047 Asn Ser Pro
tat ata Tyr Ile 19600	tgg cca cgt aat gat Trp Pro Arg Asn Asp 19605	tat gat gga ttt tta Tyr Asp Gly Phe Leu 19610	gag aac gca 116092 Glu Asn Ala
cac gaa His Glu 19615	cac cat ggg gtg tat His His Gly Val Tyr 19620	aat cag ggc cgt ggt Asn Gln Gly Arg Gly 19625	atc gat agc 116137 Ile Asp Ser
ggg gaa Gly Glu 19630	cgg tta atg caa ccc Arg Leu Met Gln Pro 19635	aca caa atg tct gca Thr Gln Met Ser Ala 19640	cag gag gat 116182 Gln Glu Asp
ctt ggg Leu Gly 19645	gac gat acg ggc atc Asp Asp Thr Gly Ile 19650	cac gtt atc cct acg His Val Ile Pro Thr 19655	tta aac ggc 116227 Leu Asn Gly
gat gac Asp Asp 19660	aga cat aaa att gta Arg His Lys Ile Val 19665	aat gtg gac caa cgt Asn Val Asp Gln Arg 19670	caa tac ggt 116272 Gln Tyr Gly
gac gtg Asp Val 19675	ttt aaa gga gat ctt Phe Lys Gly Asp Leu 19680	aat cca aaa ccc caa Asn Pro Lys Pro Gln 19685	ggc caa aga 116317 Gly Gln Arg
ctc att Leu Ile 19690	gag gtg tca gtg gaa Glu Val Ser Val Glu 19695	gaa aat cac ccg ttt Glu Asn His Pro Phe 19700	act tta cgc 116362 Thr Leu Arg
gca ccg Ala Pro 19705	att cag cgg att tat Ile Gln Arg Ile Tyr 19710	gga gtc cgg tac acc Gly Val Arg Tyr Thr 19715	gag act tgg 116407 Glu Thr Trp
agc ttt Ser Phe 19720	ttg ccg tca tta acc Leu Pro Ser Leu Thr 19725	tgt acg gga gac gca Cys Thr Gly Asp Ala 19730	gcg ccc gcc 116452 Ala Pro Ala
atc cag Ile Gln 19735	cat ata tgt tta aaa His Ile Cys Leu Lys 19740	cat aca aca tgc ttt His Thr Thr Cys Phe 19745	caa gac gtg 116497 Gln Asp Val



gtg gtg gat gtg gat tgc gcg gaa aat act aaa gag gat cag ttg 116542  
Val Val Asp Val Asp Cys Ala Glu Asn Thr Lys Glu Asp Gln Leu  
19750 19755 19760

gcc gaa atc agt tac cgt ttt caa ggt aag aag gaa gcg gac caa 116587  
Ala Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Gly Lys Lys Glu Ala Asp Gln  
19765 19770 19775

ccg tgg att gtt gta aac acg agc aca ctg ttt gat gaa ctc gaa 116632  
Pro Trp Ile Val Val Asn Thr Ser Thr Leu Phe Asp Glu Leu Glu  
19780 19785 19790

tta gac ccc ccc gag att gaa ccg ggt gtc ttg aaa gta ctt cgg 116677  
Leu Asp Pro Pro Glu Ile Glu Pro Gly Val Leu Lys Val Leu Arg  
19795 19800 19805

aca gaa aaa caa tac ttg ggt gtg tac att tgg aac atg cgc ggc 116722  
Thr Glu Lys Gln Tyr Leu Gly Val Tyr Ile Trp Asn Met Arg Gly  
19810 19815 19820

tcc gat ggt acg tct acc tac gcc acg ttt ttg gtc acc tgg aaa 116767  
Ser Asp Gly Thr Ser Thr Tyr Ala Thr Phe Leu Val Thr Trp Lys  
19825 19830 19835

ggg gat gaa aaa aca aga aac cct acg ccc gca gta act cct caa 116812  
Gly Asp Glu Lys Thr Arg Asn Pro Thr Pro Ala Val Thr Pro Gln  
19840 19845 19850

cca aga ggg gct gag ttt cat atg tgg aat tac cac tcg cat gta 116857  
Pro Arg Gly Ala Glu Phe His Met Trp Asn Tyr His Ser His Val  
19855 19860 19865

ttt tca gtt ggt gat acg ttt agc ttg gca atg cat ctt cag tat 116902  
Phe Ser Val Gly Asp Thr Phe Ser Leu Ala Met His Leu Gln Tyr  
19870 19875 19880

aag ata cat gaa gcg cca ttt gat ttg ctg tta gag tgg ttg tat 116947  
Lys Ile His Glu Ala Pro Phe Asp Leu Leu Leu Glu Trp Leu Tyr  
19885 19890 19895

gtc ccc atc gat cct aca tgt caa cca atg cgg tta tat tct acg 116992  
Val Pro Ile Asp Pro Thr Cys Gln Pro Met Arg Leu Tyr Ser Thr  
19900 19905 19910

tgt ttg tat cat ccc aac gca ccc caa tgc ctc tct cat atg aat 117037  
Cys Leu Tyr His Pro Asn Ala Pro Gln Cys Leu Ser His Met Asn  
19915 19920 19925

tcc ggt tgt aca ttt acc tcg cca cat tta gcc cag cgt gtt gca 117082

Ser Gly 19930	Cys Thr Phe Thr Ser 19935	Pro His Leu Ala Gln 19940	Arg Val Ala
agc aca Ser Thr 19945	gtg tat caa aat tgt Val Tyr Gln Asn Cys 19950	gaa cat gca gat aac Glu His Ala Asp Asn 19955	tac acc gca 117127 Tyr Thr Ala
tat tgt Tyr Cys 19960	ctg gga ata tct cat Leu Gly Ile Ser His 19965	atg gag cct agc ttt Met Glu Pro Ser Phe 19970	ggt cta atc 117172 Gly Leu Ile
tta cac Leu His 19975	gac ggg ggc acc acg Asp Gly Gly Thr Thr 19980	tta aag ttt gta gat Leu Lys Phe Val Asp 19985	aca ccc gag 117217 Thr Pro Glu
agt ttg Ser Leu 19990	tcg gga tta tac gtt Ser Gly Leu Tyr Val 19995	ttt gtg gtg tat ttt Phe Val Val Tyr Phe 20000	aac ggg cat 117262 Asn Gly His
gtt gaa Val Glu 20005	gcc gta gca tac act Ala Val Ala Tyr Thr 20010	gtt gta tcc aca gta Val Val Ser Thr Val 20015	gat cat ttt 117307 Asp His Phe
gta aac Val Asn 20020	gca att gaa gag cgt Ala Ile Glu Glu Arg 20025	gga ttt ccg cca acg Gly Phe Pro Pro Thr 20030	gcc ggt cag 117352 Ala Gly Gln
cca ccg Pro Pro 20035	gcg act act aaa ccc Ala Thr Thr Lys Pro 20040	aag gaa att acc ccc Lys Glu Ile Thr Pro 20045	gta aac ccc 117397 Val Asn Pro
gga acg Gly Thr 20050	tca cca ctt cta cga Ser Pro Leu Leu Arg 20055	tat gcc gca tgg acc Tyr Ala Ala Trp Thr 20060	gga ggg ctt 117442 Gly Gly Leu
gca gca Ala Ala 20065	gta gta ctt tta tgt Val Val Leu Leu Cys 20070	ctc gta ata ttt tta Leu Val Ile Phe Leu 20075	atc tgt acg 117487 Ile Cys Thr
gct aaa Ala Lys 20080	cga atg agg gtt aaa Arg Met Arg Val Lys 20085	gcc tat agg gta gac Ala Tyr Arg Val Asp 20090	aag tcc ccg 117532 Lys Ser Pro
tat aac Tyr Asn 20095	caa agc atg tat tac Gln Ser Met Tyr Tyr 20100	gct ggc ctt cca gtg Ala Gly Leu Pro Val 20105	gac gat ttc 117577 Asp Asp Phe
gag gac Glu Asp 20110	tcg gaa tct acg gat Ser Glu Ser Thr Asp 20115	acg gaa gaa gag ttt Thr Glu Glu Glu Phe 20120	ggt aac gcg 117622 Gly Asn Ala

att gga ggg agt cac ggg ggt tcg agt tac acg gtg tat ata gat 117667  
Ile Gly Gly Ser His Gly Gly Ser Ser Tyr Thr Val Tyr Ile Asp  
20125 20130 20135

aag acc cgg tga tcaccgaacc ggggcaacgc cgagcgtgta aatttaaata 117719  
Lys Thr Arg  
20140

aaaaacagta cgctttttatc cgggtgtatgt tttaaattta tttttttttt ctatataaag 117779  
ggatgggggtg tcaggatctc tcgtaggttc ttgggactcc aagggaacccg cagcccaggt 117839  
acgcgtcaaa aagcctgtga caaattcccc cggggcggtc atataattcg gcgcggatgc 117899  
atttattatc gggcgacaat ccaatagtcg gaagtccggc gtgtcccaaa cagcaccaat 117959  
atgccatcaa tatcagccgc tcgctgagct ccagatgcga ttgtggatcc ggcatgcatt 118019  
gctcgcgtaa taacgataac accgctctgc ggatcggcgg aaccgagggt ggacgttgtc 118079  
tatccgctgc gagctccccg cacatccgtc cgaaggcgtc ctttgccctc cccacaaaac 118139  
tcgcgcacgg tctctcggag gggctgtgta taaaagcctc gtaggcctcg gtagatatgg 118199  
cgcatagcgc ggcggcgaag taccgttcgg cgtcgttcat gagagcctgg tgcgcggggg 118259  
tatcgtgtcg tgtgcagtaa agtccggcat attcaccgcc cgggtgctca ccgcgggatc 118319  
cgcagagatt cataccacac ggcccgtgtg gggaccccgt gggttaatgg agacgttcaa 118379  
accagcacc tctaccctct aatatccaca acacccact cccacacaga cagacatcaa 118439  
aaaaagacac gagccaaacc attgtattta ttataaaga ctacacgcca tggggggggcg 118499  
gtatatcatg ccggcgcggg gcttcgtgtc gacgtcgctt ccaatctaca ccccctcgc 118559  
ccaacgcggt gagcgctttc gcggctgtat attccgcggt ttctgcaccc gcgtatcgct 118619  
cgatggcacg ctgggggtctc tttggggacg ggggtgttgca cccatccccg tctcgataac 118679  
aatcgccggg taccctgtct ggttcacaag aatcggtgct ctctctgat tcttcttcca 118739  
ctataaagtc ttccccgtcc gatgattccg cgtcggaatc ccgaaattca attacatccg 118799  
atggcgtaga cccatcatcg tcgctatcgt cttcaccacc atcatcagat acgtcacatt 118859  
ccagtgcgct cctatgcaaa ggaacattcg gcgcctcaat gaaccgtct tcccccgag 118919  
ggggtcgatg ggacacttcc attaaagtag cgcgtaagca ctgcgtctgg gtgggttgaa 118979

gctgtaacaa ttcctcccag cacgctaacg tgggacgctg tctgggtgcga cccattagat 119039  
aaaagtcgag gcatatgcgc cgcaatcttc gtgaatctcg cgtgacgcgt cccgacgact 119099  
gtgcaatata taaaaaaca cggttgatgt cctcaacgag cctggccggg tggatctccc 119159  
aaccgaggat acaaaacgcg ccggggcccc gcgacgtatc ccggccgttc aggggtcctg 119219  
gtgcagatcc atattccatc tttccgttaa catcaaccga tgccccgggt tttgactcgg 119279  
acgagtcgcc ccgcgtagcc ggtgagggtgc aaaacatgtc cttggggccg tagtaacctt 119339  
ttcccttaaa accgactcga cgctgtcgcg ttatgaatcg gacgaaccct gcacaacaaa 119399  
acacacaccc aaacgtttac atctatgaat aaggctactt gggtaaaatg gcaatggggg 119459  
attccggggc gggagacctt cgattgggtt gcctttataa caccaaaaaa aggggggggc 119519  
cccgtgtgtt tttttttatc acgtcaaatac gattttaaaa agcctgccgc tccatttgga 119579  
atatatatat tctgtgaaaa gcccgccac acccataaa accgcgacat cgcggaaca 119639  
cgcggaaca agaaactctc tctctttctc tatatatata tatatatata tatatatata 119699  
tagaaagaaa gtgcgaacgg tggttggaca catgccaaa catgaaaacc catacagtga 119759  
aaaaacggga agtgcgaatg cagatcaaaa gagtgtatcc gattggcgta caccacagac 119819  
atgcggacgc ccaatttaac cccccccctt tttcaccccc ccacccacc ccattccacc 119879  
ccaggaagtg cgaacgggtt tacatgcctc agatatgaag ttcttcgact tgtttttgaa 119939  
taaatttttt tgtgattttc tacaacgggt tagagaatta tggttataaa catcggcggg 119999  
gtaccgcgcc ccctcccat cggcggggta ccgcgcccc tcccatcgg cggggtaccg 120059  
cgccccctcc ccatcggcgg ggtaccgcgc ccctcccca tcggcggggt accgcgcccc 120119  
ctcccatcgc gcgggggggtt acgtgaacac cacaaccccg tgtgtatttt atgggttatc 120179  
gcgggcttcg tgccgcctga cataatcggt gggaggggtg gtgggtgtata cgcttggtga 120239  
ttgcgcgaac gtaatgacga cggagaggga ccaaacaca ccgtcgacgt gcatttgatt 120299  
aactagatgc cggatgggtg gaaacaaccc gtgttatata agatgttttg catgtgagac 120359  
aaccccaatt gtgtttatgt atattatata tcgtctgtag acacacgatg attggttggt 120419  
atttaaacad atgtaaatga aattcacatg tctggtatcc cttgttatga tggtgtaagg 120479



tatgcggaag tagacaccgg gcgtacatcg ccaaccagcg gtctctcctt aaacgcatac 120539

tatggtccat gaacttcccg cctcgagtct cgtccaatca ctacatcgtc ttatcattaa 120599

gaatatttac acggtgacga cacggggagg aaatatgcgg tcgagggggg ggcacaacac 120659

gttttaagta ctgttggaac tccctcacca accgcaatcg caatcctttg aaggctgcga 120719

gagcgtttgg aaaactcggg tacgtctaaa ttcaccccag tgcg atg gat acg 120772  
Met Asp Thr

ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat 120817  
Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp  
20145 20150 20155

act ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcg gcg gcc gcc 120862  
Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala  
20160 20165 20170

gaa cac agg gcc cgg gtg gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta 120907  
Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
20175 20180 20185

cta ttt gga gag aac ggg gtc atg gtg gga cgg gaa cac gag atc 120952  
Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile  
20190 20195 20200

gtt tca att ccc tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg 120997  
Val Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr  
20205 20210 20215

gaa gat gtt ggc gaa gag cta aca caa gac gac tac gta tgc gag 121042  
Glu Asp Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu  
20220 20225 20230

gac ggt cag gat cta atg ggc tcg cct gta atc ccg ctg gcc gag 121087  
Asp Gly Gln Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu  
20235 20240 20245

gtc ttc cac acc cga ttc tcg gag gcc ggc gcg cga gaa cca aca 121132  
Val Phe His Thr Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr  
20250 20255 20260

gga gcc gat cgc tcc ctt gag aca gtc tct ctc gga acg aag ctt 121177  
Gly Ala Asp Arg Ser Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu  
20265 20270 20275

gct agg tct cca aaa cca ccg atg aac gat ggg gaa acg ggc aga 121222

Ala 20280	Arg	Ser	Pro	Lys	Pro 20285	Pro	Met	Asn	Asp	Gly 20290	Glu	Thr	Gly	Arg
ggt Gly 20295	acg	acc	cct	ccg	ttc 20300	ccg	cag	gcc	ttc	tcc 20305	cct	gta	tcc	ccc 121267
	Thr	Thr	Pro	Pro	Phe	Pro	Gln	Ala	Phe	Ser	Pro	Val	Ser	Pro
gcg Ala 20310	tct	cct	gtt	gga	gac 20315	gcc	gcc	ggg	aac	gat 20320	caa	cgg	gaa	gac 121312
	Ser	Pro	Val	Gly	Asp	Ala	Ala	Gly	Asn	Asp	Gln	Arg	Glu	Asp
cag Gln 20325	cgg	tct	ata	ccc	cga 20330	caa	acg	acg	aga	gga 20335	aat	tca	cca	ggt 121357
	Arg	Ser	Ile	Pro	Arg	Gln	Thr	Thr	Arg	Gly	Asn	Ser	Pro	Gly
ttg Leu 20340	ccg	tcg	gtg	gtc	cat 20345	cga	gac	aga	caa	act 20350	cag	tcc	atc	tcg 121402
	Pro	Ser	Val	Val	His	Arg	Asp	Arg	Gln	Thr	Gln	Ser	Ile	Ser
ggt Gly 20355	aaa	aag	ccg	ggc	gat 20360	gag	caa	gcg	ggt	cat 20365	gcg	cat	gca	tcg 121447
	Lys	Lys	Pro	Gly	Asp	Glu	Gln	Ala	Gly	His	Ala	His	Ala	Ser
ggg Gly 20370	gac	gga	gta	gtt	ctc 20375	cag	aaa	act	caa	cgg 20380	ccc	gct	cag	gga 121492
	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Gln	Lys	Thr	Gln	Arg	Pro	Ala	Gln	Gly
aag Lys 20385	agc	ccg	aag	aaa	aag 20390	act	ttg	aag	gtt	aag 20395	gtc	cca	ctc	ccg 121537
	Ser	Pro	Lys	Lys	Lys	Thr	Leu	Lys	Val	Lys	Val	Pro	Leu	Pro
gcg Ala 20400	cgg	aaa	ccc	ggt	gga 20405	cct	gta	ccc	ggc	ccg 20410	gtt	gag	caa	ttg 121582
	Arg	Lys	Pro	Gly	Gly	Pro	Val	Pro	Gly	Pro	Val	Glu	Gln	Leu
tac Tyr 20415	cac	gtc	ctt	tcg	gac 20420	agc	gtt	ccc	gct	aag 20425	ggg	gca	aag	gcg 121627
	His	Val	Leu	Ser	Asp	Ser	Val	Pro	Ala	Lys	Gly	Ala	Lys	Ala
gac Asp 20430	ctg	ccg	ttt	gag	acc 20435	gat	gat	acc	cgc	cca 20440	agg	aaa	cat	gat 121672
	Leu	Pro	Phe	Glu	Thr	Asp	Asp	Thr	Arg	Pro	Arg	Lys	His	Asp
gcc Ala 20445	cgg	ggt	ata	aca	cct 20450	cgc	gtc	cct	gga	cgt 20455	tcg	tcg	ggg	ggc 121717
	Arg	Gly	Ile	Thr	Pro	Arg	Val	Pro	Gly	Arg	Ser	Ser	Gly	Gly
aaa Lys 20460	cct	aga	gcg	ttt	ttg 20465	gcc	ctg	ccg	gga	aga 20470	tcc	cac	gca	cca 121762
	Pro	Arg	Ala	Phe	Leu	Ala	Leu	Pro	Gly	Arg	Ser	His	Ala	Pro

gac Asp 20475	ccg Pro	att Ile	gag Glu	gat Asp	gac Asp 20480	agc Ser	cca Pro	gtg Val	gag Glu	aaa Lys 20485	aag Lys	cca Pro	aag Lys	agt Ser	121807
cgt Arg 20490	gag Glu	ttt Phe	gtt Val	tcg Ser	tct Ser 20495	tca Ser	tcc Ser	tct Ser	tcc Ser	tcg Ser 20500	tcg Ser	tgg Trp	gga Gly	tcg Ser	121852
tca Ser 20505	tcg Ser	gag Glu	gat Asp	gaa Glu	gac Asp 20510	gat Asp	gaa Glu	ccc Pro	cgg Arg	cgc Arg 20515	gtt Val	tcg Ser	gtg Val	gga Gly	121897
agt Ser 20520	gaa Glu	act Thr	aca Thr	ggc Gly	agc Ser 20525	agg Arg	tcc Ser	gga Gly	cgc Arg	gaa Glu 20530	cac His	gcc Ala	cct Pro	tcc Ser	121942
ccg Pro 20535	tca Ser	aat Asn	tcg Ser	gat Asp	gat Asp 20540	tcg Ser	gac Asp	tca Ser	aat Asn	gat Asp 20545	ggt Gly	ggg Gly	tcg Ser	acg Thr	121987
aaa Lys 20550	caa Gln	aat Asn	atc Ile	caa Gln	ccg Pro 20555	gga Gly	tat Tyr	cga Arg	tcc Ser	atc Ile 20560	agc Ser	ggt Gly	ccc Pro	gat Asp	122032
ccg Pro 20565	agg Arg	att Ile	cgt Arg	aag Lys	acc Thr 20570	aaa Lys	cgt Arg	ctt Leu	gcg Ala	ggg Gly 20575	gaa Glu	ccg Pro	ggg Gly	cgc Arg	122077
cag Gln 20580	aga Arg	cag Gln	aaa Lys	tca Ser	ttt Phe 20585	tcc Ser	ctg Leu	ccg Pro	cga Arg	tcc Ser 20590	aga Arg	acc Thr	ccg Pro	ata Ile	122122
att Ile 20595	ccc Pro	ccg Pro	gtg Val	tcg Ser	ggg Gly 20600	ccg Pro	ctc Leu	atg Met	atg Met	ccc Pro 20605	gac Asp	gga Gly	agc Ser	cct Pro	122167
tgg Trp 20610	ccc Pro	gga Gly	tcg Ser	gca Ala	ccc Pro 20615	ctc Leu	cca Pro	tcc Ser	aac Asn	agg Arg 20620	gtg Val	cgg Arg	ttt Phe	gga Gly	122212
ccg Pro 20625	tcc Ser	ggg Gly	gag Glu	acc Thr	aga Arg 20630	gag Glu	ggt Gly	cac His	tgg Trp	gag Glu 20635	gat Asp	gag Glu	gct Ala	gtg Val	122257
aga Arg 20640	gcg Ala	gcg Ala	cgg Arg	gct Ala	cgt Arg 20645	tac Tyr	gag Glu	gcc Ala	tca Ser	acg Thr 20650	gaa Glu	ccc Pro	gtg Val	ccg Pro	122302
ctt	tac	gtg	ccg	gag	ttg	gga	gat	ccg	gct	aga	cag	tac	cgc	gcg	122347

Leu 20655	Tyr	Val	Pro	Glu	Leu 20660	Gly	Asp	Pro	Ala	Arg 20665	Gln	Tyr	Arg	Ala
ctg	att	aac	ctg	atc	tac	tgt	cca	gac	aga	gac	cct	ata	gca	tgg 122392
Leu 20670	Ile	Asn	Leu	Ile	Tyr 20675	Cys	Pro	Asp	Arg	Asp 20680	Pro	Ile	Ala	Trp
ctc	cag	aac	ccc	aag	ctg	acc	ggt	gtc	aac	tcg	gcc	ctg	aac	cag 122437
Leu 20685	Gln	Asn	Pro	Lys	Leu 20690	Thr	Gly	Val	Asn	Ser 20695	Ala	Leu	Asn	Gln
ttc	tac	caa	aag	ctg	ttg	cca	ccg	gga	cgg	gcg	ggt	acc	gcc	gtt 122482
Phe 20700	Tyr	Gln	Lys	Leu	Leu 20705	Pro	Pro	Gly	Arg	Ala 20710	Gly	Thr	Ala	Val
acg	ggg	agc	gta	gcg	tct	ccc	gtt	ccg	cat	gta	ggc	gaa	gcc	atg 122527
Thr 20715	Gly	Ser	Val	Ala	Ser 20720	Pro	Val	Pro	His	Val 20725	Gly	Glu	Ala	Met
gcc	acg	ggg	gag	gcc	ctc	tgg	gct	ctc	ccc	cac	gcg	gcc	gcg	gcc 122572
Ala 20730	Thr	Gly	Glu	Ala	Leu 20735	Trp	Ala	Leu	Pro	His 20740	Ala	Ala	Ala	Ala
gtg	gct	atg	agc	cgt	cga	tac	gac	cgg	gcc	caa	aaa	cac	ttt	atc 122617
Val 20745	Ala	Met	Ser	Arg	Arg 20750	Tyr	Asp	Arg	Ala	Gln 20755	Lys	His	Phe	Ile
cta	cag	agt	ctc	cgc	aga	gcc	ttt	gcc	agc	atg	gca	tac	ccc	gag 122662
Leu 20760	Gln	Ser	Leu	Arg	Arg 20765	Ala	Phe	Ala	Ser	Met 20770	Ala	Tyr	Pro	Glu
gca	acg	ggc	tcc	agt	ccg	gcg	gcg	cgg	atc	tcc	cgc	ggt	cac	cct 122707
Ala 20775	Thr	Gly	Ser	Ser	Pro 20780	Ala	Ala	Arg	Ile	Ser 20785	Arg	Gly	His	Pro
tct	cca	aca	acc	ccg	gcc	aca	cag	gct	ccc	gac	cct	cag	ccg	tcg 122752
Ser 20790	Pro	Thr	Thr	Pro	Ala 20795	Thr	Gln	Ala	Pro	Asp 20800	Pro	Gln	Pro	Ser
gcc	gcc	gca	cgc	tct	ctt	tct	gtg	tgt	cca	ccg	gat	gat	cgt	tta 122797
Ala 20805	Ala	Ala	Arg	Ser	Leu 20810	Ser	Val	Cys	Pro	Pro 20815	Asp	Asp	Arg	Leu
cga	act	ccg	cgc	aag	cgc	aag	tcc	cag	cca	gtc	gag	agc	aga	agc 122842
Arg 20820	Thr	Pro	Arg	Lys	Arg 20825	Lys	Ser	Gln	Pro	Val 20830	Glu	Ser	Arg	Ser
ctc	ctc	gac	aag	att	agg	gag	aca	ccc	gtc	gcg	gac	gcc	cgg	gtt 122887
Leu 20835	Leu	Asp	Lys	Ile	Arg 20840	Glu	Thr	Pro	Val	Ala 20845	Asp	Ala	Arg	Val



gca Ala 20850	gac Asp	gat Asp	cat His	gtg Val	gtt Val 20855	tcc Ser	aag Lys	gcc Ala	aag Lys	agg Arg 20860	cgg Arg	gta Val	tcc Ser	gag Glu	122932
ccc Pro 20865	gtg Val	acc Thr	atc Ile	acc Thr	tcg Ser 20870	ggc Gly	cct Pro	gtg Val	gtg Val	gat Asp 20875	ccc Pro	ccc Pro	gcc Ala	gta Val	122977
ata Ile 20880	acg Thr	atg Met	cca Pro	ctt Leu	gac Asp 20885	gga Gly	ccg Pro	gcc Ala	cca Pro	aac Asn 20890	ggg Gly	gga Gly	ttt Phe	cgg Arg	123022
cgt Arg 20895	att Ile	ccc Pro	cgg Arg	ggg Gly	gcc Ala 20900	ctg Leu	cat His	acc Thr	ccg Pro	gtc Val 20905	ccg Pro	tcg Ser	gac Asp	cag Gln	123067
gct Ala 20910	cgc Arg	aag Lys	gcg Ala	tac Tyr	tgt Cys 20915	acc Thr	ccc Pro	gaa Glu	acc Thr	atc Ile 20920	gcc Ala	cgt Arg	ctg Leu	gtc Val	123112
gac Asp 20925	gac Asp	cca Pro	ttg Leu	ttt Phe	ccc Pro 20930	acg Thr	gcc Ala	tgg Trp	cgc Arg	cct Pro 20935	gcg Ala	cta Leu	agc Ser	ttt Phe	123157
gat Asp 20940	ccc Pro	ggc Gly	gcc Ala	ttg Leu	gcg Ala 20945	gaa Glu	atc Ile	gcc Ala	gct Ala	cgg Arg 20950	cgt Arg	ccg Pro	ggc Gly	gga Gly	123202
gga Gly 20955	gac Asp	cga Arg	cgg Arg	ttt Phe	ggt Gly 20960	cca Pro	ccc Pro	agc Ser	gga Gly	gtg Val 20965	gag Glu	gcg Ala	ctg Leu	cga Arg	123247
cgg Arg 20970	agg Arg	tgc Cys	gcc Ala	tgg Trp	atg Met 20975	cgg Arg	cag Gln	atc Ile	cca Pro	gac Asp 20980	ccg Pro	gag Glu	gat Asp	gtg Val	123292
agg Arg 20985	ctt Leu	ctg Leu	atc Ile	atc Ile	tac Tyr 20990	gat Asp	ccg Pro	ttg Leu	ccc Pro	gga Gly 20995	gag Glu	gac Asp	atc Ile	aac Asn	123337
ggc Gly 21000	ccc Pro	ctc Leu	gag Glu	agc Ser	acc Thr 21005	ctc Leu	gcg Ala	aca Thr	gat Asp	ccg Pro 21010	gga Gly	ccg Pro	tca Ser	tgg Trp	123382
agt Ser 21015	cca Pro	tcc Ser	cga Arg	ggg Gly	gga Gly 21020	ctg Leu	tct Ser	gtg Val	gtc Val	ctg Leu 21025	gca Ala	gcc Ala	ctg Leu	agt Ser	123427
aac	cgg	ttg	tgc	ctg	ccg	agc	act	cat	gcc	tgg	gcc	ggg	aac	tgg	123472

Asn 21030	Arg	Leu	Cys	Leu	Pro 21035	Ser	Thr	His	Ala	Trp 21040	Ala	Gly	Asn	Trp	
acc 21045	ggc	ccg	ccg	gac	gtg	tcc	gct	ttg	aac	gcc	cgg	ggc	gtt	tta	123517
Thr	Gly	Pro	Pro	Asp	Val	Ser	Ala	Leu	Asn	Ala	Arg	Gly	Val	Leu	
					21050					21055					
tta 21060	ctg	tcg	acc	cga	gac	ctg	gcc	ttt	gcc	ggg	gcc	gtc	gag	tat	123562
Leu	Leu	Ser	Thr	Arg	Asp	Leu	Ala	Phe	Ala	Gly	Ala	Val	Glu	Tyr	
					21065					21070					
cta 21075	ggc	tcg	cgg	ttg	gcc	tct	gcc	cgg	cgc	cgg	ttg	ctg	gtg	ttg	123607
Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Ala	Ser	Ala	Arg	Arg	Arg	Leu	Leu	Val	Leu	
					21080					21085					
gac 21090	gcg	gtg	gcc	ctc	gag	agg	tgg	ccc	agg	gat	gga	ccc	gct	ttg	123652
Asp	Ala	Val	Ala	Leu	Glu	Arg	Trp	Pro	Arg	Asp	Gly	Pro	Ala	Leu	
					21095					21100					
tct 21105	cag	tat	cac	gtg	tac	gtc	cgg	gcc	ccg	gcg	cga	ccg	gac	gcc	123697
Ser	Gln	Tyr	His	Val	Tyr	Val	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	Pro	Asp	Ala	
					21110					21115					
cag 21120	gcc	gtc	gtc	cga	tgg	cca	gac	tcg	gcg	gtc	aca	gaa	gga	ctc	123742
Gln	Ala	Val	Val	Arg	Trp	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Thr	Glu	Gly	Leu	
					21125					21130					
gcc 21135	cgg	gcc	gtg	ttt	gca	tcg	tcg	cgc	acc	ttt	ggg	cca	gcg	agt	123787
Ala	Arg	Ala	Val	Phe	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Phe	Gly	Pro	Ala	Ser	
					21140					21145					
ttt 21150	gct	cgt	atc	gag	act	gcg	ttt	gcc	aac	ctg	tac	ccg	ggc	gaa	123832
Phe	Ala	Arg	Ile	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Asn	Leu	Tyr	Pro	Gly	Glu	
					21155					21160					
caa 21165	ccc	ctg	tgt	ttg	tgc	cgc	ggt	ggg	aac	gtc	gca	tac	acc	gtg	123877
Gln	Pro	Leu	Cys	Leu	Cys	Arg	Gly	Gly	Asn	Val	Ala	Tyr	Thr	Val	
					21170					21175					
tgt 21180	acc	cgc	gcg	ggc	ccc	aag	acc	cgc	gtc	ccc	ctg	tcg	ccc	cgt	123922
Cys	Thr	Arg	Ala	Gly	Pro	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Leu	Ser	Pro	Arg	
					21185					21190					
gaa 21195	tac	cgg	cag	tac	gtg	ctg	ccg	ggt	ttt	gac	ggt	tgc	aag	gac	123967
Glu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Val	Leu	Pro	Gly	Phe	Asp	Gly	Cys	Lys	Asp	
					21200					21205					
ctc 21210	gcg	cga	cag	tct	cgg	ggt	ctg	ggg	ctc	ggg	gca	gcc	gac	ttt	124012
Leu	Ala	Arg	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	Asp	Phe	
					21215					21220					

gtg gac gag gcg gca cat agc cac cgc gca gca aac cga tgg ggc 124057  
 Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly  
 21225 21230 21235

ctg ggt gcc gcg ctt cga ccc gtc ttc ctt ccc gag gga cgg aga 124102  
 Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg  
 21240 21245 21250

ccg ggg gcc gcc ggg ccg gag gcc ggc gac gta ccc acc tgg gcg 124147  
 Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala  
 21255 21260 21265

agg gtg ttt tgc cgc cac gcc ctg ctg gaa ccc gag cct gcc gca 124192  
 Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala  
 21270 21275 21280

gaa cca ctc gtg ctt cca ccc gtg gcc ggt cgg tcg gtg gcg ctg 124237  
 Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu  
 21285 21290 21295

tat gcg tcg gcg gac gag gct cgg aat gcc ctc ccc ccg att ccc 124282  
 Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro  
 21300 21305 21310

aga gta atg tgg ccg ccc ggt ttt ggg gcc gcg gag acg gtg ttg 124327  
 Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu  
 21315 21320 21325

gag ggg agc gac gga aca cgg ttc gtg ttc gga cac cac ggg ggc 124372  
 Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly  
 21330 21335 21340

tcg gaa cgg ccg tca gaa acc cag gcg ggg cga cag cgg cgc acc 124417  
 Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr  
 21345 21350 21355

gca gac gac aga gaa cac gct ttg gag ctg gac gat tgg gag gtg 124462  
 Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val  
 21360 21365 21370

ggg tgt gaa gac gcg tgg gac agc gag gag ggg ggc ggg gac gac 124507  
 Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp  
 21375 21380 21385

ggg gac gca ccg ggg tca tcc ttt ggg gtg agc atc gtg tcg gtg 124552  
 Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val  
 21390 21395 21400

gcc ccg ggt gtg ctg cga gac cgc cgg gtg ggt ttg cgc ccg gcg 124597

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala  
21405 21410 21415

gtc aag gtg gag ctg ttg tcc tcg tcc tcg tcc tcc gag gac gag 124642  
Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
21420 21425 21430

gac gat gtg tgg gga ggg cgc ggg ggg agg agc ccc ccg cag agt 124687  
Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
21435 21440 21445

cgg ggg tga cggagtcgcc tcctttttctc gtgagcgcca ctggcgcgcg 124736  
Arg Gly  
21450

gactgtttgt tgtaataaaa agcgggaacgg tttttatgaa aaaagtgtct gtctgtctgt 124796

gcgggcgggc gacgggcggg ctggctcgac cccccccga aaataacccc cccccggttt 124856

ctgggcgccc ggcggacccc gggagagg 124884

<210> 9  
<211> 238  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 9

Met His Val Ile Ser Glu Thr Leu Ala Tyr Gly His Val Pro Ala Phe  
1 5 10 15

Ile Met Gly Ser Thr Leu Val Arg Pro Ser Leu Asn Ala Thr Ala Glu  
20 25 30

Glu Asn Pro Ala Ser Glu Thr Arg Cys Leu Leu Arg Val Leu Ala Gly  
35 40 45

Arg Thr Val Asp Leu Pro Gly Gly Gly Thr Leu His Ile Thr Cys Thr  
50 55 60

Lys Thr Tyr Val Ile Ile Gly Lys Tyr Ser Lys Pro Gly Glu Arg Leu  
65 70 75 80

Ser Leu Ala Arg Leu Ile Gly Arg Ala Met Thr Pro Gly Gly Ala Arg



85

90

95

Thr Phe Ile Ile Leu Ala Met Lys Glu Lys Arg Ser Thr Thr Leu Gly  
 100 105 110

Tyr Glu Cys Gly Thr Gly Leu His Leu Leu Ala Pro Ser Met Gly Thr  
 115 120 125

Phe Leu Arg Thr His Gly Leu Ser Asn Arg Asp Leu Cys Leu Trp Arg  
 130 135 140

Gly Asn Ile Tyr Asp Met His Met Gln Arg Leu Met Phe Trp Glu Asn  
 145 150 155 160

Ile Ala Gln Asn Thr Thr Glu Thr Pro Cys Ile Thr Ser Thr Leu Thr  
 165 170 175

Cys Asn Leu Thr Glu Asp Ser Gly Glu Ala Ala Leu Thr Thr Ser Asp  
 180 185 190

Arg Pro Thr Leu Pro Thr Leu Thr Ala Gln Gly Arg Pro Thr Val Ser  
 195 200 205

Asn Ile Arg Gly Ile Leu Lys Gly Ser Pro Arg Gln Gln Pro Val Cys  
 210 215 220

His Arg Val Arg Phe Ala Glu Pro Thr Glu Gly Val Leu Met  
 225 230 235

&lt;210&gt; 10

&lt;211&gt; 259

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 10

Met Gln Thr Val Cys Ala Ser Leu Cys Gly Tyr Ala Arg Ile Pro Thr  
 1 5 10 15

Glu Glu Pro Ser Tyr Glu Glu Val Arg Val Asn Thr His Pro Gln Gly  
20 25 30

Ala Ala Leu Leu Arg Leu Gln Glu Ala Leu Thr Ala Val Asn Gly Leu  
35 40 45

Leu Pro Ala Pro Leu Thr Leu Glu Asp Val Val Ala Ser Ala Asp Asn  
50 55 60

Thr Arg Arg Leu Val Arg Ala Gln Ala Leu Ala Arg Thr Tyr Ala Ala  
65 70 75 80

Cys Ser Arg Asn Ile Glu Cys Leu Lys Gln His His Phe Thr Glu Asp  
85 90 95

Asn Pro Gly Leu Asn Ala Val Val Arg Ser His Met Glu Asn Ser Lys  
100 105 110

Arg Leu Ala Asp Met Cys Leu Ala Ala Ile Thr His Leu Tyr Leu Ser  
115 120 125

Val Gly Ala Val Asp Val Thr Thr Asp Asp Ile Val Asp Gln Thr Leu  
130 135 140

Arg Met Thr Ala Glu Ser Glu Val Val Met Ser Asp Val Val Leu Leu  
145 150 155 160

Glu Lys Thr Leu Gly Val Val Ala Lys Pro Gln Ala Ser Phe Asp Val  
165 170 175

Ser His Asn His Glu Leu Ser Ile Ala Lys Gly Glu Asn Val Gly Leu  
180 185 190

Lys Thr Ser Pro Ile Lys Ser Glu Ala Thr Gln Leu Ser Glu Ile Lys  
195 200 205

Pro Pro Leu Ile Glu Val Ser Asp Asn Asn Thr Ser Asn Leu Thr Lys  
210 215 220

Lys Thr Tyr Pro Thr Glu Thr Leu Gln Pro Val Leu Thr Pro Lys Gln  
 225 230 235 240

Thr Gln Asp Val Gln Arg Thr Thr Pro Ala Ile Lys Lys Ser His Val  
 245 250 255

Met Leu Val

<210> 11  
 <211> 87  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 11

Met Gly Ser Ile Thr Ala Ser Phe Ile Leu Ile Thr Met Gln Ile Leu  
 1 5 10 15

Phe Phe Cys Glu Asp Ser Ser Gly Glu Pro Asn Phe Ala Glu Arg Asn  
 20 25 30

Phe Trp His Ala Ser Cys Ser Ala Arg Gly Val Tyr Ile Asp Gly Ser  
 35 40 45

Met Ile Thr Thr Leu Phe Phe Tyr Ala Ser Leu Leu Gly Val Cys Val  
 50 55 60

Ala Leu Ile Ser Leu Ala Tyr His Ala Cys Phe Arg Leu Phe Thr Arg  
 65 70 75 80

Ser Val Leu Arg Ser Thr Trp  
 85

<210> 12  
 <211> 302  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 12

Met Ala Ser Ser Asp Gly Asp Arg Leu Cys Arg Ser Asn Ala Val Arg  
1 5 10 15

Arg Lys Thr Thr Pro Ser Tyr Ser Gly Gln Tyr Arg Thr Ala Arg Arg  
20 25 30

Ser Val Val Val Gly Pro Pro Asp Asp Ser Asp Asp Ser Leu Gly Tyr  
35 40 45

Ile Thr Thr Val Gly Ala Asp Ser Pro Ser Pro Val Tyr Ala Asp Leu  
50 55 60

Tyr Phe Glu His Lys Asn Thr Thr Pro Arg Val His Gln Pro Asn Asp  
65 70 75 80

Ser Ser Gly Ser Glu Asp Asp Phe Glu Asp Ile Asp Glu Val Val Ala  
85 90 95

Ala Phe Arg Glu Ala Arg Leu Arg His Glu Leu Val Glu Asp Ala Val  
100 105 110

Tyr Glu Asn Pro Leu Ser Val Glu Lys Pro Ser Arg Ser Phe Thr Lys  
115 120 125

Asn Ala Ala Val Lys Pro Lys Leu Glu Asp Ser Pro Lys Arg Ala Pro  
130 135 140

Pro Gly Ala Gly Ala Ile Ala Ser Gly Arg Pro Ile Ser Phe Ser Thr  
145 150 155 160

Ala Pro Lys Thr Ala Thr Ser Ser Trp Cys Gly Pro Thr Pro Ser Tyr  
165 170 175

Asn Lys Arg Val Phe Cys Glu Ala Val Arg Arg Val Ala Ala Met Gln  
180 185 190



Ala Gln Lys Ala Ala Glu Ala Ala Trp Asn Ser Asn Pro Pro Arg Asn  
195 200 205

Asn Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Thr Gly Ala Val Ile Arg Ile Thr  
210 215 220

Val His Glu Gly Leu Asn Leu Ile Gln Ala Ala Asn Glu Ala Asp Leu  
225 230 235 240

Gly Glu Gly Ala Ser Val Ser Lys Arg Gly His Asn Arg Lys Thr Gly  
245 250 255

Asp Leu Gln Gly Gly Met Gly Asn Glu Pro Met Tyr Ala Gln Val Arg  
260 265 270

Lys Pro Lys Ser Arg Thr Asp Thr Gln Thr Thr Gly Arg Ile Thr Asn  
275 280 285

Arg Ser Arg Ala Arg Ser Ala Ser Arg Thr Asp Thr Arg Lys  
290 295 300

<210> 13  
<211> 410  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 13

Met Glu Cys Asn Leu Gly Thr Glu His Pro Ser Thr Asp Thr Trp Asn  
1 5 10 15

Arg Ser Lys Thr Glu Gln Ala Val Val Asp Ala Phe Asp Glu Ser Leu  
20 25 30

Phe Gly Asp Val Ala Ser Asp Ile Gly Phe Glu Thr Ser Leu Tyr Ser  
35 40 45

His Ala Val Lys Thr Ala Pro Ser Pro Pro Trp Val Ala Ser Pro Lys  
50 55 60

Ile Leu Tyr Gln Gln Leu Ile Arg Asp Leu Asp Phe Ser Glu Gly Pro  
65 70 75 80

Arg Leu Leu Ser Cys Leu Glu Thr Trp Asn Glu Asp Leu Phe Ser Cys  
85 90 95

Phe Pro Ile Asn Glu Asp Leu Tyr Ser Asp Met Met Val Leu Ser Pro  
100 105 110

Asp Pro Asp Asp Val Ile Ser Thr Val Ser Thr Lys Asp His Val Glu  
115 120 125

Met Phe Asn Leu Thr Thr Arg Gly Ser Val Arg Leu Pro Ser Pro Pro  
130 135 140

Lys Gln Pro Thr Gly Leu Pro Ala Tyr Val Gln Glu Val Gln Asp Ser  
145 150 155 160

Phe Thr Val Glu Leu Arg Ala Arg Glu Glu Ala Tyr Thr Lys Leu Leu  
165 170 175

Val Thr Tyr Cys Lys Ser Ile Ile Arg Tyr Leu Gln Gly Thr Ala Lys  
180 185 190

Arg Thr Thr Ile Gly Leu Asn Ile Gln Asn Pro Asp Gln Lys Ala Tyr  
195 200 205

Thr Gln Leu Arg Gln Ser Ile Leu Leu Arg Tyr Tyr Arg Glu Val Ala  
210 215 220

Ser Leu Ala Arg Leu Leu Tyr Leu His Leu Tyr Leu Thr Val Thr Arg  
225 230 235 240

Glu Phe Ser Trp Arg Leu Tyr Ala Ser Gln Ser Ala His Pro Asp Val  
245 250 255

Phe Ala Ala Leu Lys Phe Thr Trp Thr Glu Arg Arg Gln Phe Thr Cys

260

265

270

Ala Phe His Pro Val Leu Cys Asn His Gly Ile Val Leu Leu Glu Gly  
275 280 285

Lys Pro Leu Thr Ala Ser Ala Leu Arg Glu Ile Asn Tyr Arg Arg Arg  
290 295 300

Glu Leu Gly Leu Pro Leu Val Arg Cys Gly Leu Val Glu Glu Asn Lys  
305 310 315 320

Ser Pro Leu Val Gln Gln Pro Ser Phe Ser Val His Leu Pro Arg Ser  
325 330 335

Val Gly Phe Leu Thr His His Ile Lys Arg Lys Leu Asp Ala Tyr Ala  
340 345 350

Val Lys His Pro Gln Glu Pro Arg His Val Arg Ala Asp His Pro Tyr  
355 360 365

Ala Lys Val Val Glu Asn Arg Asn Tyr Gly Ser Ser Ile Glu Ala Met  
370 375 380

Ile Leu Ala Pro Pro Ser Pro Ser Glu Ile Leu Pro Gly Asp Pro Pro  
385 390 395 400

Arg Pro Pro Thr Cys Gly Phe Leu Thr Arg  
405 410

<210> 14  
<211> 819  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 14

Met Gln Ser Gly His Tyr Asn Arg Arg Gln Ser Arg Arg Gln Arg Ile  
1 5 10 15

Ser Ser Asn Thr Thr Asp Ser Pro Arg His Thr His Gly Thr Arg Tyr  
20 25 30

Arg Ser Thr Asn Trp Tyr Thr His Pro Pro Gln Ile Leu Ser Asn Ser  
35 40 45

Glu Thr Leu Val Ala Val Gln Glu Leu Leu Asn Ser Glu Met Asp Gln  
50 55 60

Asp Ser Ser Ser Asp Ala Ser Asp Asp Phe Pro Gly Tyr Ala Leu His  
65 70 75 80

His Ser Thr Tyr Asn Gly Ser Glu Gln Asn Thr Ser Thr Ser Arg His  
85 90 95

Glu Asn Arg Ile Phe Lys Leu Thr Glu Arg Glu Ala Asn Glu Glu Ile  
100 105 110

Asn Ile Asn Thr Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
115 120 125

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
130 135 140

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
145 150 155 160

Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly  
165 170 175

Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala  
180 185 190

Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Ala Ala Glu Glu Asp Ala  
195 200 205

Ile Asp Asp Glu Gly Glu Ala Glu Glu Asp Tyr Phe Ser Val Ser Gln  
210 215 220



Val Cys Ser Arg Asp Ala Asp Glu Val Tyr Phe Thr Leu Asp Pro Glu  
225 230 235 240

Ile Ser Tyr Ser Thr Asp Leu Arg Ile Ala Lys Val Met Glu Pro Ala  
245 250 255

Val Ser Lys Glu Leu Asn Val Ser Lys Arg Cys Val Glu Pro Val Thr  
260 265 270

Leu Thr Gly Ser Met Leu Ala His Asn Gly Phe Asp Glu Ser Trp Phe  
275 280 285

Ala Met Arg Glu Cys Thr Arg Arg Glu Tyr Ile Thr Val Gln Gly Leu  
290 295 300

Tyr Asp Pro Ile His Leu Arg Tyr Gln Phe Asp Thr Ser Arg Met Thr  
305 310 315 320

Pro Pro Gln Ile Leu Arg Thr Ile Pro Ala Leu Pro Asn Met Thr Leu  
325 330 335

Gly Glu Leu Leu Leu Ile Phe Pro Ile Glu Phe Met Ala Gln Pro Ile  
340 345 350

Ser Ile Glu Arg Ile Leu Val Glu Asp Val Phe Leu Asp Arg Arg Ala  
355 360 365

Ser Ser Lys Thr His Lys Tyr Gly Pro Arg Trp Asn Ser Val Tyr Ala  
370 375 380

Leu Pro Tyr Asn Ala Gly Lys Met Tyr Val Gln His Ile Pro Gly Phe  
385 390 395 400

Tyr Asp Val Ser Leu Arg Ala Val Gly Gln Gly Thr Ala Ile Trp His  
405 410 415

His Met Ile Leu Ser Thr Ala Ala Cys Ala Ile Ser Asn Arg Ile Ser  
420 425 430

His Gly Asp Gly Leu Gly Phe Leu Leu Asp Ala Ala Ile Arg Ile Ser  
435 440 445

Ala Asn Cys Ile Phe Leu Gly Arg Asn Asp Asn Phe Gly Val Gly Asp  
450 455 460

Pro Cys Trp Leu Glu Asp His Leu Ala Gly Leu Pro Arg Glu Ala Val  
465 470 475 480

Pro Asp Val Leu Gln Val Thr Gln Leu Val Leu Pro Asn Arg Gly Pro  
485 490 495

Thr Val Ala Ile Met Arg Gly Phe Phe Gly Ala Leu Ala Tyr Trp Pro  
500 505 510

Glu Leu Arg Ile Ala Ile Ser Glu Pro Ser Thr Ser Leu Val Arg Tyr  
515 520 525

Ala Thr Gly His Met Glu Leu Ala Glu Trp Phe Leu Phe Ser Arg Thr  
530 535 540

His Ser Leu Lys Pro Gln Phe Thr Pro Thr Glu Arg Glu Met Leu Ala  
545 550 555 560

Ser Phe Phe Thr Leu Tyr Val Thr Leu Gly Gly Gly Met Leu Asn Trp  
565 570 575

Ile Cys Arg Ala Thr Ala Met Tyr Leu Ala Ala Pro Tyr His Ser Arg  
580 585 590

Ser Ala Tyr Ile Ala Val Cys Glu Ser Leu Pro Tyr Tyr Tyr Ile Pro  
595 600 605

Val Asn Ser Asp Leu Leu Cys Asp Leu Glu Val Leu Leu Leu Gly Glu  
610 615 620

Val Asp Leu Pro Thr Val Cys Glu Ser Tyr Ala Thr Ile Ala His Glu  
625 630 635 640

Leu Thr Gly Tyr Glu Ala Val Arg Thr Ala Ala Thr Asn Phe Met Ile  
645 650 655

Glu Phe Ala Asp Cys Tyr Lys Glu Ser Glu Thr Asp Leu Met Val Ser  
660 665 670

Ala Tyr Leu Gly Ala Val Leu Leu Leu Gln Arg Val Leu Gly His Ala  
675 680 685

Asn Leu Leu Leu Leu Leu Leu Ser Gly Ala Ala Leu Tyr Gly Gly Cys  
690 695 700

Ser Ile Tyr Ile Pro Arg Gly Ile Leu Asp Ala Tyr Asn Thr Leu Met  
705 710 715 720

Leu Ala Ala Ser Pro Leu Tyr Ala His Gln Thr Leu Thr Ser Phe Trp  
725 730 735

Lys Asp Arg Asp Asp Ala Met Gln Thr Leu Gly Ile Arg Pro Thr Thr  
740 745 750

Asp Val Leu Pro Lys Glu Gln Asp Arg Ile Val Gln Ala Ser Pro Ile  
755 760 765

Glu Met Asn Phe Arg Phe Val Gly Leu Glu Thr Ile Tyr Pro Arg Glu  
770 775 780

Gln Pro Ile Pro Ser Val Asp Leu Ala Glu Asn Leu Met Gln Tyr Arg  
785 790 795 800

Asn Glu Ile Leu Gly Leu Asp Trp Lys Ser Val Ala Met His Leu Leu  
805 810 815

Arg Lys Tyr

<210> 15  
<211> 661  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 15

Met Phe Ser Arg Phe Ala Arg Ser Phe Ser Ser Asp Asp Arg Thr Arg  
1 5 10 15

Lys Ser Tyr Asp Gly Ser Tyr Gln Ser Phe Asn Ala Gly Glu Arg Asp  
20 25 30

Leu Pro Thr Pro Thr Arg Asp Trp Cys Ser Ile Ser Gln Arg Ile Thr  
35 40 45

Ser Glu Arg Val Arg Asp Gly Cys Leu Ile Pro Thr Pro Gly Glu Ala  
50 55 60

Leu Glu Thr Ala Val Lys Ala Leu Ser Glu Lys Thr Asp Ser Leu Thr  
65 70 75 80

Ser Pro Val Leu Gln Ser Thr Glu Arg His Ser Val Leu Leu Gly Leu  
85 90 95

His His Asn Asn Val Pro Glu Ser Leu Val Val Ser Cys Met Ser Asn  
100 105 110

Asp Val His Asp Gly Phe Met Gln Arg Tyr Met Glu Thr Ile Gln Arg  
115 120 125

Cys Leu Asp Asp Leu Lys Leu Ser Gly Asp Gly Leu Trp Trp Val Tyr  
130 135 140

Glu Asn Thr Tyr Trp Gln Tyr Leu Lys Tyr Thr Thr Gly Ala Glu Val  
145 150 155 160



Pro Val Thr Ser Glu Lys Val Asn Lys Lys Ser Lys Ser Thr Val Leu  
165 170 175

Leu Phe Ser Ser Val Val Ala Asn Lys Pro Ile Ser Arg His Pro Phe  
180 185 190

Lys Ser Lys Val Ile Asn Ser Asp Tyr Arg Gly Ile Cys Gln Glu Leu  
195 200 205

Arg Glu Ala Leu Gly Ala Val Gln Lys Tyr Met Tyr Phe Met Arg Pro  
210 215 220

Asp Asp Pro Thr Asn Pro Ser Pro Asp Thr Arg Ile Arg Val Gln Glu  
225 230 235 240

Ile Ala Ala Tyr Thr Ala Thr Gly Tyr Gly Trp Met Leu Trp Phe Leu  
245 250 255

Asp Val Val Asp Ala Arg Val Cys Arg His Leu Lys Leu Gln Phe Arg  
260 265 270

Arg Ile Arg Gly Pro Arg Ala Ser Val Ile Pro Asp Asp Leu Leu Arg  
275 280 285

Arg His Leu Lys Thr Gly Pro Ala Val Ser Ala Gly Thr Gly Val Ala  
290 295 300

Phe Ile Leu Ala Ala Thr Thr Ala Ser Ala Leu Thr Ala Leu Leu Arg  
305 310 315 320

Ile Ser Val Leu Trp Arg Lys Glu Glu Trp Arg Asp Gly Leu Asn Gly  
325 330 335

Thr Ala Ala Ala Ile Val Ala Ala Val Glu Leu Ile Thr Leu Leu His  
340 345 350

His His Phe Gln Tyr Leu Ile Asn Met Met Leu Ile Gly Tyr Ala Cys

355

360

365

Trp Gly Asp Gly Gly Leu Asn Asp Pro Tyr Ile Leu Lys Ala Leu Arg  
370 375 380

Ala Gln Gly Arg Phe Leu Tyr Phe Ala Gly Gln Leu Val Arg Thr Met  
385 390 395 400

Ser Thr His Ser Trp Val Val Leu Glu Thr Ser Thr His Met Trp Phe  
405 410 415

Ser Arg Ala Val Ala Gln Ser Ile Leu Ala His Gly Gly Lys Pro Thr  
420 425 430

Lys Tyr Tyr Ala Gln Val Leu Ala Ala Ser Lys Arg Tyr Thr Pro Leu  
435 440 445

His Leu Arg Arg Ile Ser Glu Pro Ser Ser Val Ser Asp Gln Pro Tyr  
450 455 460

Ile Arg Phe Asn Arg Leu Gly Ser Pro Ile Gly Thr Gly Ile Gly Asn  
465 470 475 480

Leu Glu Cys Val Cys Leu Thr Gly Asn Tyr Leu Ser Asp Asp Val Asn  
485 490 495

Ala Ser Ser His Val Ile Asn Thr Glu Ala Pro Leu Asn Ser Ile Ala  
500 505 510

Pro Asp Thr Asn Arg Gln Arg Thr Ser Arg Val Leu Val Arg Pro Asp  
515 520 525

Thr Gly Leu Asp Val Thr Val Arg Lys Asn His Cys Leu Asp Ile Gly  
530 535 540

His Thr Asp Gly Ser Pro Val Asp Pro Thr Tyr Pro Asp His Tyr Thr  
545 550 555 560

Arg Ile Lys Ala Glu Tyr Glu Gly Pro Val Arg Asp Glu Ser Asn Thr  
                   565                                  570                                  575

Met Phe Asp Gln Arg Ser Asp Leu Arg His Ile Glu Thr Gln Ala Ser  
                   580                                  585                                  590

Leu Asn Asp His Val Tyr Glu Asn Ile Pro Pro Lys Glu Val Gly Phe  
                   595                                  600                                  605

Asn Ser Ser Ser Asp Leu Asp Val Asp Ser Leu Asn Gly Tyr Thr Ser  
                   610                                  615                                  620

Gly Asp Met His Thr Asp Asp Asp Leu Ser Pro Asp Phe Ile Pro Asn  
   625                                  630                                  635                                  640

Asp Val Pro Val Arg Cys Lys Thr Thr Val Thr Phe Arg Lys Asn Thr  
                   645                                  650                                  655

Pro Lys Ser His His  
                   660

<210> 16  
 <211> 301  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 16

Met Gly Asp Leu Ser Cys Trp Thr Lys Val Pro Gly Phe Thr Leu Thr  
   1                                  5                                  10                                  15

Gly Glu Leu Gln Tyr Leu Lys Gln Val Asp Asp Ile Leu Arg Tyr Gly  
                   20                                  25                                  30

Val Arg Lys Arg Asp Arg Thr Gly Ile Gly Thr Leu Ser Leu Phe Gly  
                   35                                  40                                  45

Met Gln Ala Arg Tyr Asn Leu Arg Asn Glu Phe Pro Leu Leu Thr Thr  
                   50                                  55                                  60

Lys Arg Val Phe Trp Arg Ala Val Val Glu Glu Leu Leu Trp Phe Ile  
65 70 75 80

Arg Gly Ser Thr Asp Ser Lys Glu Leu Ala Ala Lys Asp Ile His Ile  
85 90 95

Trp Asp Ile Tyr Gly Ser Ser Lys Phe Leu Asn Arg Asn Gly Phe His  
100 105 110

Lys Arg His Thr Gly Asp Leu Gly Pro Ile Tyr Gly Phe Gln Trp Arg  
115 120 125

His Phe Gly Ala Glu Tyr Lys Asp Cys Gln Ser Asn Tyr Leu Gln Gln  
130 135 140

Gly Ile Asp Gln Leu Gln Thr Val Ile Asp Thr Ile Lys Thr Asn Pro  
145 150 155 160

Glu Ser Arg Arg Met Ile Ile Ser Ser Trp Asn Pro Lys Asp Ile Pro  
165 170 175

Leu Met Val Leu Pro Pro Cys His Thr Leu Cys Gln Phe Tyr Val Ala  
180 185 190

Asn Gly Glu Leu Ser Cys Gln Val Tyr Gln Arg Ser Gly Asp Met Gly  
195 200 205

Leu Gly Val Pro Phe Asn Ile Ala Gly Tyr Ala Leu Leu Thr Tyr Ile  
210 215 220

Val Ala His Val Thr Gly Leu Lys Thr Gly Asp Leu Ile His Thr Met  
225 230 235 240

Gly Asp Ala His Ile Tyr Leu Asn His Ile Asp Ala Leu Lys Val Gln  
245 250 255



Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Phe Pro Cys Leu Lys Ile Ile Arg Asn  
260 265 270

Val Thr Asp Ile Asn Asp Phe Lys Trp Asp Asp Phe Gln Leu Asp Gly  
275 280 285

Tyr Asn Pro His Pro Pro Leu Lys Met Glu Met Ala Leu  
290 295 300

<210> 17  
<211> 455  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 17

Met Gly Leu Phe Gly Leu Thr Arg Phe Ile His Glu His Lys Leu Val  
1 5 10 15

Lys Pro Ser Ile Ile Ser Thr Pro Pro Gly Val Leu Thr Pro Val Ala  
20 25 30

Val Asp Val Trp Asn Val Met Tyr Thr Leu Leu Glu Arg Leu Tyr Pro  
35 40 45

Val Gly Lys Arg Glu Asn Leu His Gly Pro Ser Val Thr Ile His Cys  
50 55 60

Leu Gly Val Leu Leu Arg Leu Leu Thr Gln Arg Ser Tyr Tyr Pro Ile  
65 70 75 80

Phe Val Leu Glu Arg Cys Thr Asp Gly Pro Leu Ser Arg Gly Ala Lys  
85 90 95

Ala Ile Met Ser Arg Ala Met Asn His Asp Glu Arg Gly Thr Ser Asp  
100 105 110

Leu Thr Arg Val Leu Leu Ser Ser Asn Thr Ser Cys Ser Ile Lys Tyr  
115 120 125

Asn Lys Thr Ser Glu Thr Tyr Asp Ser Val Phe Arg Asn Ser Ser Thr  
130 135 140

Ser Cys Ile Pro Ser Glu Glu Asn Lys Ser Gln Asp Met Phe Leu Asp  
145 150 155 160

Gly Cys Pro Arg Gln Thr Asp Lys Thr Ile Cys Leu Arg Asp Gln Asn  
165 170 175

Val Cys Ser Leu Thr Ser Thr Met Pro Ser Arg Gly His Pro Asn His  
180 185 190

Arg Leu Tyr His Lys Leu Cys Ala Ser Leu Ile Arg Trp Met Gly Tyr  
195 200 205

Ala Tyr Val Glu Ala Val Asp Ile Glu Ala Asp Glu Ala Cys Ala Asn  
210 215 220

Leu Phe His Thr Arg Thr Val Ala Leu Val Tyr Thr Thr Asp Thr Asp  
225 230 235 240

Leu Leu Phe Met Gly Cys Asp Ile Leu Leu Asp Ala Ile Pro Met Phe  
245 250 255

Ala Pro Val Val Arg Cys Arg Asp Leu Leu Gln Tyr Leu Gly Ile Thr  
260 265 270

Tyr Pro Glu Phe Leu Val Ala Phe Val Arg Cys Gln Thr Asp Leu His  
275 280 285

Thr Ser Asp Asn Leu Lys Ser Val Gln Gln Val Ile Gln Asp Thr Gly  
290 295 300

Leu Lys Val Pro His Gln Met Asp Thr Ser Thr Arg Ser Pro Thr Tyr  
305 310 315 320

Asp Ser Trp Arg His Gly Glu Val Phe Lys Ser Leu Thr Val Ala Thr

325

330

335

Ser Gly Lys Thr Glu Asn Gly Val Ser Val Ser Lys Tyr Ala Ser Asn  
340 345 350

Arg Ser Glu Val Thr Val Asp Ala Ser Trp Ala Leu Asn Leu Leu Pro  
355 360 365

Pro Ser Ser Ser Pro Leu Asp Asn Leu Glu Arg Ala Phe Val Glu His  
370 375 380

Ile Ile Ala Val Val Thr Pro Leu Thr Arg Gly Arg Leu Lys Leu Met  
385 390 395 400

Lys Arg Val Asn Ile Met Gln Asn Thr Ala Asp Pro Tyr Met Val Ile  
405 410 415

Asn Thr Leu Tyr His Asn Leu Lys Gly Glu Lys Met Ala Arg Gln Tyr  
420 425 430

Ala Arg Ile Phe Lys Gln Phe Ile Pro Thr Pro Leu Pro Leu Asn Thr  
435 440 445

Val Leu Thr Lys Tyr Trp Asn  
450 455

&lt;210&gt; 18

&lt;211&gt; 1038

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 18

Met Glu Glu Pro Ile Cys Tyr Asp Thr Gln Lys Leu Leu Asp Asp Leu  
1 5 10 15

Ser Asn Leu Lys Val Gln Glu Ala Asp Asn Glu Arg Pro Trp Ser Pro  
20 25 30

Glu Lys Thr Glu Ile Ala Arg Val Lys Val Val Lys Phe Leu Arg Ser  
35 40 45

Thr Gln Lys Ile Pro Ala Lys His Phe Ile Gln Ile Trp Glu Pro Leu  
50 55 60

His Ser Asn Ile Cys Phe Val Tyr Ser Asn Thr Phe Leu Ala Glu Ala  
65 70 75 80

Ala Phe Thr Ala Glu Asn Leu Pro Gly Leu Leu Phe Trp Arg Leu Asp  
85 90 95

Leu Asp Trp Thr Ile Glu Glu Pro Gly Asn Ser Leu Lys Ile Leu Thr  
100 105 110

Gln Leu Ser Ser Val Val Gln Asp Ser Glu Thr Leu His Arg Leu Ser  
115 120 125

Ala Asn Lys Leu Arg Thr Ser Ser Lys Phe Gly Pro Val Ser Ile His  
130 135 140

Phe Ile Ile Thr Asp Trp Ile Asn Met Tyr Glu Val Ala Leu Lys Asp  
145 150 155 160

Ala Thr Thr Ala Ile Glu Ser Pro Phe Thr His Ala Arg Ile Gly Met  
165 170 175

Leu Glu Ser Ala Ile Ala Ala Leu Thr Gln His Lys Phe Ala Ile Ile  
180 185 190

Tyr Asp Met Pro Phe Val Gln Glu Gly Ile Arg Val Leu Thr Gln Tyr  
195 200 205

Ala Gly Trp Leu Leu Pro Phe Asn Val Met Trp Asn Gln Ile Gln Asn  
210 215 220

Ser Ser Leu Thr Pro Leu Thr Arg Ala Leu Phe Ile Ile Cys Met Ile  
225 230 235 240



Asp Glu Tyr Leu Thr Glu Thr Pro Val His Ser Ile Ser Glu Leu Phe  
245 250 255

Ala Asp Thr Val Asn Leu Ile Lys Asp Glu Ala Phe Val Ser Ile Glu  
260 265 270

Glu Ala Val Thr Asn Pro Arg Thr Val His Glu Ser Arg Ile Ser Ser  
275 280 285

Ala Leu Ala Tyr Arg Asp Pro Tyr Val Phe Glu Thr Ser Pro Gly Met  
290 295 300

Leu Ala Arg Arg Leu Arg Leu Asp Asn Gly Ile Trp Glu Ser Asn Leu  
305 310 315 320

Leu Ser Leu Ser Thr Pro Gly Ile His Ile Glu Ala Leu Leu His Leu  
325 330 335

Leu Asn Ser Asp Pro Glu Ala Glu Thr Thr Ser Gly Ser Asn Val Ala  
340 345 350

Glu His Thr Arg Gly Ile Trp Glu Lys Val Gln Ala Ser Thr Ser Pro  
355 360 365

Ser Met Leu Ile Ser Thr Leu Ala Glu Ser Gly Phe Thr Arg Phe Ser  
370 375 380

Cys Lys Leu Leu Arg Arg Phe Ile Ala His His Thr Leu Ala Gly Phe  
385 390 395 400

Ile His Gly Ser Val Val Ala Asp Glu His Ile Thr Asp Phe Gln Gln  
405 410 415

Thr Leu Gly Cys Leu Ala Leu Val Gly Gly Leu Ala Tyr Gln Leu Val  
420 425 430

Glu Thr Tyr Ala Pro Thr Thr Glu Tyr Val Leu Thr Tyr Thr Arg Thr  
435 440 445

Val Asn Glu Thr Glu Lys Arg Tyr Glu Thr Leu Leu Pro Ala Leu Gly  
450 455 460

Leu Pro Pro Gly Gly Leu Gly Gln Ile Met Arg Arg Cys Phe Ala Pro  
465 470 475 480

Arg Pro Leu Ile Glu Ser Ile Gln Ala Thr Arg Val Ile Leu Leu Asn  
485 490 495

Glu Ile Ser His Ala Glu Ala Arg Glu Thr Thr Tyr Phe Lys Gln Thr  
500 505 510

His Asn Gln Ser Ser Gly Ala Leu Leu Pro Gln Ala Gly Gln Ser Ala  
515 520 525

Val Arg Glu Ala Val Leu Thr Trp Phe Asp Leu Arg Met Asp Ser Arg  
530 535 540

Trp Gly Ile Thr Pro Pro Val Asp Val Gly Met Thr Pro Pro Ile Cys  
545 550 555 560

Val Asp Pro Pro Ala Thr Gly Leu Glu Ala Val Met Ile Thr Glu Ala  
565 570 575

Leu Lys Ile Ala Tyr Pro Thr Glu Tyr Asn Arg Ser Ser Val Phe Val  
580 585 590

Glu Pro Ser Phe Val Pro Tyr Ile Ile Ala Thr Ser Thr Leu Asp Ala  
595 600 605

Leu Ser Ala Thr Ile Ala Leu Ser Phe Asp Thr Arg Gly Ile Gln Gln  
610 615 620

Ala Leu Ser Ile Leu Gln Trp Ala Arg Asp Tyr Gly Ser Gly Thr Val  
625 630 635 640

Pro Asn Ala Asp Gly Tyr Arg Thr Lys Leu Ser Ala Leu Ile Thr Ile  
645 650 655

Leu Glu Pro Phe Thr Arg Thr His Pro Pro Val Leu Leu Pro Ser His  
660 665 670

Val Ser Thr Ile Asp Ser Leu Ile Cys Glu Leu His Arg Thr Val Gly  
675 680 685

Ile Ala Val Asp Leu Leu Pro Gln His Val Arg Pro Leu Val Pro Asp  
690 695 700

Arg Pro Ser Ile Thr Asn Ser Val Phe Leu Ala Thr Leu Tyr Tyr Asp  
705 710 715 720

Glu Leu Tyr Gly Arg Trp Thr Arg Leu Asp Lys Thr Ser Gln Ala Leu  
725 730 735

Val Glu Asn Phe Thr Ser Asn Ala Leu Val Val Ser Arg Tyr Met Leu  
740 745 750

Met Leu Gln Lys Phe Phe Ala Cys Arg Phe Tyr Pro Thr Pro Asp Leu  
755 760 765

Gln Ala Val Gly Ile Cys Asn Pro Lys Val Glu Arg Asp Glu Gln Phe  
770 775 780

Gly Val Trp Arg Leu Asn Asp Leu Ala Asp Ala Val Gly His Ile Val  
785 790 795 800

Gly Thr Ile Gln Gly Ile Arg Thr Gln Met Arg Val Gly Ile Ser Ser  
805 810 815

Leu Arg Thr Ile Met Ala Asp Ala Ser Ser Ala Leu Arg Glu Cys Glu  
820 825 830

Asn Leu Met Thr Lys Thr Ser Thr Ser Ala Ile Gly Pro Leu Phe Ser  
835 840 845

Thr Met Ala Ser Arg Tyr Ala Arg Phe Thr Gln Asp Gln Met Asp Ile  
850 855 860

Leu Met Arg Val Asp Lys Leu Thr Thr Gly Glu Asn Ile Pro Gly Leu  
865 870 875 880

Ala Asn Val Glu Ile Phe Leu Asn Arg Trp Glu Arg Ile Ala Thr Ala  
885 890 895

Cys Arg His Ala Thr Ala Val Pro Ser Ala Glu Ser Ile Ala Thr Val  
900 905 910

Cys Asn Glu Leu Arg Arg Gly Leu Lys Asn Ile Gln Glu Asp Arg Val  
915 920 925

Asn Ala Pro Thr Ser Tyr Met Ser His Ala Arg Asn Leu Glu Asp His  
930 935 940

Lys Ala Ala Val Ser Phe Val Met Asp Ser Arg Gln Gln Phe Ile Val  
945 950 955 960

Asp Ser Gly Pro Gln Met Gly Ala Val Leu Thr Ser Gln Cys Asn Ile  
965 970 975

Gly Thr Trp Glu Asn Val Asn Ala Thr Phe Leu His Asp Asn Val Lys  
980 985 990

Ile Thr Thr Thr Val Arg Asp Val Ile Ser Glu Ala Pro Thr Leu Ile  
995 1000 1005

Ile Gly Gln Arg Trp Leu Arg Pro Asp Glu Ile Leu Ser Asn Val  
1010 1015 1020

Asp Leu Arg Leu Gly Val Pro Gly Asn Thr Ser Gly Ser Asp Pro  
1025 1030 1035



<210> 19  
 <211> 2763  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 19

Met Asp Ile Ile Pro Pro Ile Ala Val Thr Val Ala Gly Val Gly Ser  
 1 5 10 15

Arg Asn Gln Phe Asp Gly Ala Leu Gly Pro Ala Ser Gly Leu Ser Cys  
 20 25 30

Leu Arg Thr Ser Leu Ser Phe Leu His Met Thr Tyr Ala His Gly Ile  
 35 40 45

Asn Ala Thr Leu Ser Ser Asp Met Ile Asp Gly Cys Leu Gln Glu Gly  
 50 55 60

Ala Ala Trp Thr Thr Asp Leu Ser Asn Met Gly Arg Gly Val Pro Asp  
 65 70 75 80

Met Cys Ala Leu Val Asp Leu Pro Asn Arg Ile Ser Tyr Ile Lys Leu  
 85 90 95

Gly Asp Thr Thr Ser Thr Cys Cys Val Leu Ser Arg Ile Tyr Gly Asp  
 100 105 110

Ser His Phe Phe Thr Val Pro Asp Glu Gly Phe Met Cys Thr Gln Ile  
 115 120 125

Pro Ala Arg Ala Phe Phe Asp Asp Val Trp Met Gly Arg Glu Glu Ser  
 130 135 140

Tyr Thr Ile Ile Thr Val Asp Ser Thr Gly Met Ala Ile Tyr Arg Gln  
 145 150 155 160

Gly Asn Ile Ser Phe Ile Phe Asp Pro His Gly His Gly Thr Ile Gly

165

170

175

Gln Ala Val Val Val Arg Val Asn Thr Thr Asp Val Tyr Ser Tyr Ile  
180 185 190

Ala Ser Glu Tyr Thr His Arg Pro Asp Asn Val Glu Ser Gln Trp Ala  
195 200 205

Ala Ala Leu Val Phe Phe Val Thr Ala Asn Asp Gly Pro Val Ser Glu  
210 215 220

Glu Ala Leu Ser Ser Ala Val Thr Leu Ile Tyr Gly Ser Cys Asp Thr  
225 230 235 240

Tyr Phe Thr Asp Glu Gln Tyr Cys Glu Lys Leu Val Thr Ala Gln His  
245 250 255

Pro Leu Leu Leu Ser Pro Pro Asn Ser Thr Thr Ile Val Leu Asn Lys  
260 265 270

Ser Ser Ile Val Pro Leu His Gln Asn Val Gly Glu Ser Val Ser Leu  
275 280 285

Glu Ala Thr Leu His Ser Thr Leu Thr Asn Thr Val Ala Leu Asp Pro  
290 295 300

Arg Cys Ser Tyr Ser Glu Val Asp Pro Trp His Ala Val Leu Glu Thr  
305 310 315 320

Thr Ser Thr Gly Ser Gly Val Leu Asp Cys Arg Arg Arg Arg Arg Pro  
325 330 335

Ser Trp Thr Pro Pro Ser Ser Glu Glu Asn Leu Ala Cys Ile Asp Asp  
340 345 350

Gly Leu Val Asn Asn Thr His Ser Thr Asp Asn Leu His Lys Pro Ala  
355 360 365

Lys Lys Val Leu Lys Phe Lys Pro Thr Val Asp Val Pro Asp Lys Thr  
370 375 380

Gln Val Ala His Val Leu Pro Arg Leu Arg Glu Val Ala Asn Thr Pro  
385 390 395 400

Asp Val Val Leu Asn Val Ser Asn Val Asp Thr Pro Glu Ser Ser Pro  
405 410 415

Thr Phe Ser Arg Asn Met Asn Val Gly Ser Ser Leu Lys Asp Arg Lys  
420 425 430

Pro Phe Leu Phe Glu Gln Ser Gly Asp Val Asn Met Val Val Glu Lys  
435 440 445

Leu Leu Gln His Gly His Glu Ile Ser Asn Gly Tyr Val Gln Asn Ala  
450 455 460

Val Gly Thr Leu Asp Thr Val Ile Thr Gly His Thr Asn Val Pro Ile  
465 470 475 480

Trp Val Thr Arg Pro Leu Val Met Pro Asp Glu Lys Asp Pro Leu Glu  
485 490 495

Leu Phe Ile Asn Leu Thr Ile Leu Arg Leu Thr Gly Phe Val Val Glu  
500 505 510

Asn Gly Thr Arg Thr His His Gly Ala Thr Ser Val Val Ser Asp Phe  
515 520 525

Ile Gly Pro Leu Gly Glu Ile Leu Thr Gly Phe Pro Ser Ala Ala Glu  
530 535 540

Leu Ile Arg Val Thr Ser Leu Ile Leu Thr Asn Met Pro Gly Ala Glu  
545 550 555 560

Tyr Ala Ile Lys Thr Val Leu Arg Lys Lys Cys Thr Ile Gly Met Leu

565

570

575

Ile Ile Ala Lys Phe Gly Leu Val Ala Met Arg Val Gln Asp Thr Thr  
                   580                                  585                                  590

Gly Ala Leu His Ala Glu Leu Asp Val Leu Glu Ala Asp Leu Gly Gly  
                   595                                  600                                  605

Ser Ser Pro Ile Asp Leu Tyr Ser Arg Leu Ser Thr Gly Leu Ile Ser  
           610                                  615                                  620

Ile Leu Asn Ser Pro Ile Ile Ser His Pro Gly Leu Phe Ala Glu Leu  
   625                                  630                                  635                                  640

Ile Pro Thr Arg Thr Gly Ser Leu Ser Glu Arg Ile Arg Leu Leu Cys  
                                   645                                  650                                  655

Glu Leu Val Ser Ala Arg Glu Thr Arg Tyr Met Arg Glu His Thr Ala  
                   660                                  665                                  670

Leu Val Ser Ser Val Lys Ala Leu Glu Asn Ala Leu Arg Ser Thr Arg  
           675                                  680                                  685

Asn Lys Ile Asp Ala Ile Gln Ile Pro Glu Val Pro Gln Glu Pro Pro  
       690                                  695                                  700

Glu Glu Thr Asp Ile Pro Pro Glu Glu Leu Ile Arg Arg Val Tyr Glu  
   705                                  710                                  715                                  720

Ile Arg Ser Glu Val Thr Met Leu Leu Thr Ser Ala Val Thr Glu Tyr  
                                   725                                  730                                  735

Phe Thr Arg Gly Val Leu Tyr Ser Thr Arg Ala Leu Ile Ala Glu Gln  
                   740                                  745                                  750

Ser Pro Arg Arg Phe Arg Val Ala Thr Ala Ser Thr Ala Pro Ile Gln  
           755                                  760                                  765



Arg Leu Leu Asp Ser Leu Pro Glu Phe Asp Ala Lys Leu Thr Ala Ile  
770 775 780

Ile Ser Ser Leu Ser Ile His Pro Pro Pro Glu Thr Ile Gln Asn Leu  
785 790 795 800

Pro Val Val Ser Leu Leu Lys Glu Leu Ile Lys Glu Gly Glu Asp Leu  
805 810 815

Asn Thr Asp Thr Ala Leu Val Ser Trp Leu Ser Val Val Gly Glu Ala  
820 825 830

Gln Thr Ala Gly Tyr Leu Ser Arg Arg Glu Phe Asp Glu Leu Ser Arg  
835 840 845

Thr Ile Lys Thr Ile Asn Thr Arg Ala Thr Gln Arg Ala Ser Ala Glu  
850 855 860

Ala Glu Leu Ser Cys Phe Asn Thr Leu Ser Ala Ala Val Asp Gln Ala  
865 870 875 880

Val Lys Asp Tyr Glu Thr Tyr Asn Asn Gly Glu Val Lys Tyr Pro Glu  
885 890 895

Ile Thr Arg Asp Asp Leu Leu Ala Thr Ile Val Arg Ala Thr Asp Asp  
900 905 910

Leu Val Arg Gln Ile Lys Ile Leu Ser Asp Pro Met Ile Gln Ser Gly  
915 920 925

Leu Gln Pro Ser Ile Lys Arg Arg Leu Glu Thr Arg Leu Lys Glu Val  
930 935 940

Gln Thr Tyr Ala Asn Glu Ala Arg Thr Thr Gln Asp Thr Ile Lys Ser  
945 950 955 960

Arg Lys Gln Ala Ala Tyr Asn Lys Leu Gly Gly Leu Leu Arg Pro Val

965

970

975

Thr Gly Phe Val Gly Leu Arg Ala Ala Val Asp Leu Leu Pro Glu Leu  
980 985 990

Ala Ser Glu Leu Asp Val Gln Gly Ala Leu Val Asn Leu Arg Thr Lys  
995 1000 1005

Val Leu Glu Ala Pro Val Glu Ile Arg Ser Gln Leu Thr Gly Asp  
1010 1015 1020

Phe Trp Ala Leu Phe Asn Gln Tyr Arg Asp Ile Leu Glu His Pro  
1025 1030 1035

Gly Asn Ala Arg Thr Ser Val Leu Gly Gly Leu Gly Ala Cys Phe  
1040 1045 1050

Thr Ala Ile Ile Glu Ile Val Pro Ile Pro Thr Glu Tyr Arg Pro  
1055 1060 1065

Ser Leu Leu Ala Phe Phe Gly Asp Val Ala Asp Val Leu Ala Ser  
1070 1075 1080

Asp Ile Ala Thr Val Ser Thr Asn Pro Glu Ser Glu Ser Ala Ile  
1085 1090 1095

Asn Ala Val Val Ala Thr Leu Ser Lys Ala Thr Leu Val Ser Ser  
1100 1105 1110

Thr Val Pro Ala Leu Ser Phe Val Leu Ser Leu Tyr Lys Lys Tyr  
1115 1120 1125

Gln Ala Leu Gln Gln Glu Ile Thr Asn Thr His Lys Leu Thr Glu  
1130 1135 1140

Leu Gln Lys Gln Leu Gly Asp Asp Phe Ser Thr Leu Ala Val Ser  
1145 1150 1155

Ser Gly His Leu Lys Phe Ile Ser Ser Ser Asn Val Asp Asp Tyr  
1160 1165 1170

Glu Ile Asn Asp Ala Ile Leu Ser Ile Gln Thr Asn Val His Ala  
1175 1180 1185

Leu Met Asp Thr Val Lys Leu Val Glu Val Glu Leu Gln Lys Leu  
1190 1195 1200

Pro Pro His Cys Ile Ala Gly Thr Ser Thr Leu Ser Arg Val Val  
1205 1210 1215

Lys Asp Leu His Lys Leu Val Thr Met Ala His Glu Lys Lys Glu  
1220 1225 1230

Gln Ala Lys Val Leu Ile Thr Asp Cys Glu Arg Ala His Lys Gln  
1235 1240 1245

Gln Thr Thr Arg Val Leu Tyr Glu Arg Trp Thr Arg Asp Ile Ile  
1250 1255 1260

Ala Cys Leu Glu Ala Met Glu Thr Arg His Ile Phe Asn Gly Thr  
1265 1270 1275

Glu Leu Ala Arg Leu Arg Asp Met Ala Ala Ala Gly Gly Phe Asp  
1280 1285 1290

Ile His Ala Val Tyr Pro Gln Ala Arg Gln Val Val Ala Ala Cys  
1295 1300 1305

Glu Thr Thr Ala Val Thr Ala Leu Asp Thr Val Phe Arg His Asn  
1310 1315 1320

Pro Tyr Thr Pro Glu Asn Thr Asn Ile Pro Pro Pro Leu Ala Leu  
1325 1330 1335

Leu Arg Gly Leu Thr Trp Phe Asp Asp Phe Ser Ile Thr Ala Pro

1340	1345	1350
Val Phe Thr Val Met Phe Pro Gly Val Ser Ile Glu Gly Leu Leu		
1355	1360	1365
Leu Leu Met Arg Ile Arg Ala Val Val Leu Leu Ser Ala Asp Thr		
1370	1375	1380
Ser Ile Asn Gly Ile Pro Asn Tyr Arg Asp Met Ile Leu Arg Thr		
1385	1390	1395
Ser Gly Asp Leu Leu Gln Ile Pro Ala Leu Ala Gly Tyr Val Asp		
1400	1405	1410
Phe Tyr Thr Arg Ser Tyr Asp Gln Phe Ile Thr Glu Ser Val Thr		
1415	1420	1425
Leu Ser Glu Leu Arg Ala Asp Ile Arg Gln Ala Ala Gly Ala Lys		
1430	1435	1440
Leu Thr Glu Ala Asn Lys Ala Leu Glu Glu Val Thr His Val Arg		
1445	1450	1455
Ala His Glu Thr Ala Lys Leu Ala Leu Lys Glu Gly Val Phe Ile		
1460	1465	1470
Thr Leu Pro Ser Glu Gly Leu Leu Ile Arg Ala Ile Glu Tyr Phe		
1475	1480	1485
Thr Thr Phe Asp His Lys Arg Phe Ile Gly Thr Ala Tyr Glu Arg		
1490	1495	1500
Val Leu Gln Thr Met Val Asp Arg Asp Leu Lys Glu Ala Asn Ala		
1505	1510	1515
Glu Leu Ala Gln Phe Arg Met Val Cys Gln Ala Thr Lys Asn Arg		
1520	1525	1530

Ala Ile Gln Ile Leu Gln Asn Ile Val Asp Thr Ala Asn Ala Thr  
1535 1540 1545

Glu Gln Gln Glu Asp Val Asp Phe Thr Asn Leu Lys Thr Leu Leu  
1550 1555 1560

Lys Leu Thr Pro Pro Pro Lys Thr Ile Ala Leu Ala Ile Asp Arg  
1565 1570 1575

Ser Thr Ser Val Gln Asp Ile Val Thr Gln Phe Ala Leu Leu Leu  
1580 1585 1590

Gly Arg Leu Glu Glu Glu Thr Gly Thr Leu Asp Ile Gln Ala Val  
1595 1600 1605

Asp Trp Met Tyr Gln Ala Arg Asn Ile Ile Asp Ser His Pro Leu  
1610 1615 1620

Ser Val Arg Ile Asp Gly Thr Gly Pro Leu His Thr Tyr Lys Asp  
1625 1630 1635

Arg Val Asp Lys Leu Tyr Ala Leu Arg Thr Lys Leu Asp Leu Leu  
1640 1645 1650

Arg Arg Arg Ile Glu Thr Gly Glu Val Thr Trp Asp Asp Ala Trp  
1655 1660 1665

Thr Thr Phe Lys Arg Glu Thr Gly Asp Met Leu Ala Ser Gly Asp  
1670 1675 1680

Thr Tyr Ala Thr Ser Val Asp Ser Ile Lys Ala Leu Gln Ala Ser  
1685 1690 1695

Ala Ser Val Val Asp Met Leu Cys Ser Glu Pro Glu Phe Phe Leu  
1700 1705 1710

Leu Pro Val Glu Thr Lys Asn Arg Leu Gln Lys Lys Gln Gln Glu



1715	1720	1725
Arg Lys Thr Ala Leu Asp Val Val Leu Gln Lys Gln Arg Gln Phe 1730	1735	1740
Glu Glu Thr Ala Ser Arg Leu Arg Ala Leu Ile Glu Arg Ile Pro 1745	1750	1755
Thr Glu Ser Asp His Asp Val Leu Arg Met Leu Leu Arg Asp Phe 1760	1765	1770
Asp Gln Phe Thr His Leu Pro Ile Trp Ile Lys Thr Gln Tyr Met 1775	1780	1785
Thr Phe Arg Asn Leu Leu Met Val Arg Leu Gly Leu Tyr Ala Ser 1790	1795	1800
Tyr Ala Glu Ile Phe Pro Pro Ala Ser Pro Asn Gly Val Phe Ala 1805	1810	1815
Pro Ile Pro Ala Met Ser Gly Val Cys Leu Glu Asp Gln Ser Arg 1820	1825	1830
Cys Ile Arg Ala Arg Val Ala Ala Phe Met Gly Glu Ala Ser Val 1835	1840	1845
Val Gln Thr Phe Arg Glu Ala Arg Ser Ser Ile Asp Ala Leu Phe 1850	1855	1860
Gly Lys Asn Leu Thr Phe Tyr Leu Asp Thr Asp Gly Val Pro Leu 1865	1870	1875
Arg Tyr Arg Val Cys Tyr Lys Ser Val Gly Val Lys Leu Gly Thr 1880	1885	1890
Met Leu Cys Ser Gln Gly Gly Leu Ser Leu Arg Pro Ala Leu Pro 1895	1900	1905

Asp Glu Gly Ile Val Glu Glu Thr Thr Leu Ser Ala Leu Arg Val  
1910 1915 1920

Ala Asn Glu Val Asn Glu Leu Arg Ile Glu Tyr Glu Ser Ala Ile  
1925 1930 1935

Lys Ser Gly Phe Ser Ala Phe Ser Thr Phe Val Arg His Arg His  
1940 1945 1950

Ala Glu Trp Gly Lys Thr Asn Ala Arg Arg Ala Ile Ala Glu Ile  
1955 1960 1965

Tyr Ala Gly Leu Ile Thr Thr Thr Leu Thr Arg Gln Tyr Gly Val  
1970 1975 1980

His Trp Asp Lys Leu Ile Tyr Ser Phe Glu Lys His His Leu Thr  
1985 1990 1995

Ser Val Met Gly Asn Gly Leu Thr Lys Pro Ile Gln Arg Arg Gly  
2000 2005 2010

Asp Val Arg Val Leu Glu Leu Thr Leu Ser Asp Ile Val Thr Ile  
2015 2020 2025

Leu Val Ala Thr Thr Pro Val His Leu Leu Asn Phe Ala Arg Leu  
2030 2035 2040

Asp Leu Ile Lys Gln His Glu Tyr Met Ala Arg Thr Leu Arg Pro  
2045 2050 2055

Val Ile Glu Ala Ala Phe Arg Gly Arg Leu Leu Val Arg Ser Leu  
2060 2065 2070

Asp Gly Asp Pro Lys Gly Asn Ala Arg Ala Phe Phe Asn Ala Ala  
2075 2080 2085

Pro Ser Lys His Lys Leu Pro Leu Ala Leu Gly Ser Asn Gln Asp

2090	2095	2100
Pro Thr Gly Gly Arg Ile Phe	Ala Phe Arg Met Ala	Asp Trp Lys
2105	2110	2115
Leu Val Lys Met Pro Gln Lys	Ile Thr Asp Pro Phe	Ala Pro Trp
2120	2125	2130
Gln Leu Ser Pro Pro Pro Gly	Val Lys Ala Asn Val	Asp Ala Val
2135	2140	2145
Thr Arg Ile Met Ala Thr Asp	Arg Leu Ala Thr Ile	Thr Val Leu
2150	2155	2160
Gly Arg Met Cys Leu Pro Pro	Ile Ser Leu Val Ser	Met Trp Asn
2165	2170	2175
Thr Leu Gln Pro Glu Glu Phe	Ala Tyr Arg Thr Gln	Asp Asp Val
2180	2185	2190
Asp Ile Ile Val Asp Ala Arg	Leu Asp Leu Ser Ser	Thr Leu Asn
2195	2200	2205
Ala Arg Phe Asp Thr Ala Pro	Ser Asn Thr Thr Leu	Glu Trp Asn
2210	2215	2220
Thr Asp Arg Lys Val Ile Thr	Asp Ala Tyr Ile Gln	Thr Gly Ala
2225	2230	2235
Thr Thr Val Phe Thr Val Thr	Gly Ala Ala Pro Thr	His Val Ser
2240	2245	2250
Asn Val Thr Ala Phe Asp Ile	Ala Thr Thr Ala Ile	Leu Phe Gly
2255	2260	2265
Ala Pro Leu Val Ile Ala Met	Glu Leu Thr Ser Val	Phe Ser Gln
2270	2275	2280

Asn Ser Gly Leu Thr Leu Gly Leu Lys Leu Phe Asp Ser Arg His  
2285 2290 2295

Met Ala Thr Asp Ser Gly Ile Ser Ser Ala Val Ser Pro Asp Ile  
2300 2305 2310

Val Ser Trp Gly Leu Arg Leu Leu His Met Asp Pro His Pro Ile  
2315 2320 2325

Glu Asn Ala Cys Leu Ile Val Gln Leu Glu Lys Leu Ser Ala Leu  
2330 2335 2340

Ile Ala Asn Lys Pro Leu Thr Asn Asn Pro Pro Cys Leu Leu Leu  
2345 2350 2355

Leu Asp Glu His Met Asn Pro Ser Tyr Val Leu Trp Glu Arg Lys  
2360 2365 2370

Asp Ser Ile Pro Ala Pro Asp Tyr Val Val Phe Trp Gly Pro Glu  
2375 2380 2385

Ser Leu Ile Asp Leu Pro Tyr Ile Asp Ser Asp Glu Asp Ser Phe  
2390 2395 2400

Pro Ser Cys Pro Asp Asp Pro Phe Tyr Ser Gln Ile Ile Ala Gly  
2405 2410 2415

Tyr Ala Pro Gln Gly Pro Pro Asn Leu Asp Thr Thr Asp Phe Tyr  
2420 2425 2430

Pro Thr Glu Pro Leu Phe Lys Ser Pro Val Gln Val Val Arg Ser  
2435 2440 2445

Ser Lys Cys Lys Lys Met Pro Val Arg Pro Ala Gln Pro Ala Gln  
2450 2455 2460

Pro Ala Gln Pro Ala Gln Pro Ala Gln Thr Val Gln Pro Ala Gln

2465	2470	2475
Pro Ile Glu Pro Gly Thr Gln Ile Val Val Gln Asn Phe Lys Lys 2480	2485	2490
Pro Gln Ser Val Lys Thr Thr Leu Ser Gln Lys Asp Ile Pro Leu 2495	2500	2505
Tyr Val Glu Thr Glu Ser Glu Thr Ala Val Leu Ile Pro Lys Gln 2510	2515	2520
Leu Thr Thr Ser Ile Lys Thr Thr Val Cys Lys Ser Ile Thr Pro 2525	2530	2535
Pro Asn Asn Gln Leu Ser Asp Trp Lys Asn Asn Pro Gln Gln Asn 2540	2545	2550
Gln Thr Leu Asn Gln Ala Phe Ser Lys Pro Ile Leu Glu Ile Thr 2555	2560	2565
Ser Ile Pro Thr Asp Asp Ser Ile Ser Tyr Arg Thr Trp Ile Glu 2570	2575	2580
Lys Ser Asn Gln Thr Gln Lys Arg His Gln Asn Asp Pro Arg Met 2585	2590	2595
Tyr Asn Ser Lys Thr Val Phe His Pro Val Asn Asn Gln Leu Pro 2600	2605	2610
Ser Trp Val Asp Thr Ala Ala Asp Ala Pro Gln Thr Asp Leu Leu 2615	2620	2625
Thr Asn Tyr Lys Thr Arg Gln Pro Ser Pro Asn Phe Pro Arg Asp 2630	2635	2640
Val His Thr Trp Gly Val Ser Ser Asn Pro Phe Asn Ser Pro Asn 2645	2650	2655



Arg Asp Leu Tyr Gln Ser Asp Phe Ser Glu Pro Ser Asp Gly Tyr  
2660 2665 2670

Ser Ser Glu Ser Glu Asn Ser Ile Val Leu Ser Leu Asp Glu His  
2675 2680 2685

Arg Ser Cys Arg Val Pro Arg His Val Arg Val Val Asn Ala Asp  
2690 2695 2700

Val Val Thr Gly Arg Arg Tyr Val Arg Gly Thr Ala Leu Gly Ala  
2705 2710 2715

Leu Ala Leu Leu Ser Gln Ala Cys Arg Arg Met Ile Asp Asn Val  
2720 2725 2730

Arg Tyr Thr Arg Lys Leu Leu Met Asp His Thr Glu Asp Ile Phe  
2735 2740 2745

Gln Gly Leu Gly Tyr Val Lys Leu Leu Leu Asp Gly Thr Tyr Ile  
2750 2755 2760

<210> 20  
<211> 585  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 20

Met Asp Arg Val Glu Ser Glu Glu Pro Met Asp Gly Phe Glu Ser Pro  
1 5 10 15

Val Phe Ser Glu Asn Thr Ser Ser Asn Ser Gly Trp Cys Ser Asp Ala  
20 25 30

Phe Ser Asp Ser Tyr Ile Ala Tyr Asn Pro Ala Leu Leu Leu Lys Asn  
35 40 45

Asp Leu Leu Phe Ser Glu Leu Leu Phe Ala Ser His Leu Ile Asn Val  
50 55 60

Pro Arg Ala Ile Glu Asn Asn Val Thr Tyr Glu Ala Ser Ser Ala Val  
65 70 75 80

Gly Val Asp Asn Glu Met Thr Ser Ser Thr Thr Glu Phe Ile Glu Glu  
85 90 95

Ile Gly Asp Val Leu Ala Leu Asp Arg Ala Cys Leu Val Cys Arg Thr  
100 105 110

Leu Asp Leu Tyr Lys Arg Lys Phe Gly Leu Thr Pro Glu Trp Val Ala  
115 120 125

Asp Tyr Ala Met Leu Cys Met Lys Ser Leu Ala Ser Pro Pro Cys Ala  
130 135 140

Val Val Thr Phe Ser Ala Ala Phe Glu Phe Val Tyr Leu Met Asp Arg  
145 150 155 160

Tyr Tyr Leu Cys Arg Tyr Asn Val Thr Leu Val Gly Ser Phe Ala Arg  
165 170 175

Arg Thr Leu Ser Leu Leu Asp Ile Gln Arg His Phe Phe Leu His Val  
180 185 190

Cys Phe Arg Thr Asp Gly Gly Leu Pro Gly Ile Arg Pro Pro Pro Gly  
195 200 205

Lys Glu Met Ala Asn Lys Val Arg Tyr Ser Asn Tyr Ser Phe Phe Val  
210 215 220

Gln Ala Val Val Arg Ala Ala Leu Leu Ser Ile Ser Thr Ser Arg Leu  
225 230 235 240

Asp Glu Thr Glu Thr Arg Lys Ser Phe Tyr Phe Asn Gln Asp Gly Leu  
245 250 255

Thr Gly Gly Pro Gln Pro Leu Ala Ala Ala Leu Ala Asn Trp Lys Asp  
260 265 270

Cys Ala Arg Met Val Asp Cys Ser Ser Ser Glu His Arg Thr Ser Gly  
275 280 285

Met Ile Thr Cys Ala Glu Arg Ala Leu Lys Glu Asp Ile Glu Phe Glu  
290 295 300

Asp Ile Leu Ile Asp Lys Leu Lys Lys Ser Ser Tyr Val Glu Ala Ala  
305 310 315 320

Trp Gly Tyr Ala Asp Leu Ala Leu Leu Leu Leu Ser Gly Val Ala Thr  
325 330 335

Trp Asn Val Asp Glu Arg Thr Asn Cys Ala Ile Glu Thr Arg Val Gly  
340 345 350

Cys Val Lys Ser Tyr Trp Gln Ala Asn Arg Ile Glu Asn Ser Arg Asp  
355 360 365

Val Pro Lys Gln Phe Ser Lys Phe Thr Ser Glu Asp Ala Cys Pro Glu  
370 375 380

Val Ala Phe Gly Pro Ile Leu Leu Thr Thr Leu Lys Asn Ala Lys Cys  
385 390 395 400

Arg Gly Arg Thr Asn Thr Glu Cys Met Leu Cys Cys Leu Leu Thr Ile  
405 410 415

Gly His Tyr Trp Ile Ala Leu Arg Gln Phe Lys Arg Asp Ile Leu Ala  
420 425 430

Tyr Ser Ala Asn Asn Thr Ser Leu Phe Asp Cys Ile Glu Pro Val Ile  
435 440 445

Asn Ala Trp Ser Leu Asp Asn Pro Ile Lys Leu Lys Phe Pro Phe Asn  
450 455 460

Asp Glu Gly Arg Phe Ile Thr Ile Val Lys Ala Ala Gly Ser Glu Ala  
465 470 475 480

Val Tyr Lys His Leu Phe Cys Asp Leu Leu Cys Ala Leu Ser Glu Leu  
485 490 495

Gln Thr Asn Pro Lys Ile Leu Phe Ala His Pro Thr Thr Ala Asp Lys  
500 505 510

Glu Val Leu Glu Leu Tyr Lys Ala Gln Leu Ala Ala Gln Asn Arg Phe  
515 520 525

Glu Gly Arg Val Cys Ala Gly Leu Trp Thr Leu Ala Tyr Ala Phe Lys  
530 535 540

Ala Tyr Gln Ile Phe Pro Arg Lys Pro Thr Ala Asn Ala Ala Phe Ile  
545 550 555 560

Arg Asp Gly Gly Leu Met Leu Arg Arg His Ala Ile Ser Leu Val Ser  
565 570 575

Leu Glu His Thr Leu Ser Lys Tyr Val  
580 585

<210> 21  
<211> 1204  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 21

Met Glu Asn Thr Gln Lys Thr Val Thr Val Pro Thr Gly Pro Leu Gly  
1 5 10 15

Tyr Val Tyr Ala Cys Arg Val Glu Asp Leu Asp Leu Glu Glu Ile Ser  
20 25 30

Phe Leu Ala Ala Arg Ser Thr Asp Ser Asp Leu Ala Leu Leu Pro Leu

35

40

45

Met Arg Asn Leu Thr Val Glu Lys Thr Phe Thr Ser Ser Leu Ala Val  
50 55 60

Val Ser Gly Ala Arg Thr Thr Gly Leu Ala Gly Ala Gly Ile Thr Leu  
65 70 75 80

Lys Leu Thr Thr Ser His Phe Tyr Pro Ser Val Phe Val Phe His Gly  
85 90 95

Gly Lys His Val Leu Pro Ser Ser Ala Ala Pro Asn Leu Thr Arg Ala  
100 105 110

Cys Asn Ala Ala Arg Glu Arg Phe Gly Phe Ser Arg Cys Gln Gly Pro  
115 120 125

Pro Val Asp Gly Ala Val Glu Thr Thr Gly Ala Glu Ile Cys Thr Arg  
130 135 140

Leu Gly Leu Glu Pro Glu Asn Thr Ile Leu Tyr Leu Val Val Thr Ala  
145 150 155 160

Leu Phe Lys Glu Ala Val Phe Met Cys Asn Val Phe Leu His Tyr Gly  
165 170 175

Gly Leu Asp Ile Val His Ile Asn His Gly Asp Val Ile Arg Ile Pro  
180 185 190

Leu Phe Pro Val Gln Leu Phe Met Pro Asp Val Asn Arg Leu Val Pro  
195 200 205

Asp Pro Phe Asn Thr His His Arg Ser Ile Gly Glu Gly Phe Val Tyr  
210 215 220

Pro Thr Pro Phe Tyr Asn Thr Gly Leu Cys His Leu Ile His Asp Cys  
225 230 235 240



Val Ile Ala Pro Met Ala Val Ala Leu Arg Val Arg Asn Val Thr Ala  
245 250 255

Val Ala Arg Gly Ala Ala His Leu Ala Phe Asp Glu Asn His Glu Gly  
260 265 270

Ala Val Leu Pro Pro Asp Ile Thr Tyr Thr Tyr Phe Gln Ser Ser Ser  
275 280 285

Ser Gly Thr Thr Thr Ala Arg Gly Ala Arg Arg Asn Asp Val Asn Ser  
290 295 300

Thr Ser Lys Pro Ser Pro Ser Gly Gly Phe Glu Arg Arg Leu Ala Ser  
305 310 315 320

Ile Met Ala Ala Asp Thr Ala Leu His Ala Glu Val Ile Phe Asn Thr  
325 330 335

Gly Ile Tyr Glu Glu Thr Pro Thr Asp Ile Lys Glu Trp Pro Met Phe  
340 345 350

Ile Gly Met Glu Gly Thr Leu Pro Arg Leu Asn Ala Leu Gly Ser Tyr  
355 360 365

Thr Ala Arg Val Ala Gly Val Ile Gly Ala Met Val Phe Ser Pro Asn  
370 375 380

Ser Ala Leu Tyr Leu Thr Glu Val Glu Asp Ser Gly Met Thr Glu Ala  
385 390 395 400

Lys Asp Gly Gly Pro Gly Pro Ser Phe Asn Arg Phe Tyr Gln Phe Ala  
405 410 415

Gly Pro His Leu Ala Ala Asn Pro Gln Thr Asp Arg Asp Gly His Val  
420 425 430

Leu Ser Ser Gln Ser Thr Gly Ser Ser Asn Thr Glu Phe Ser Val Asp

435

440

445

Tyr Leu Ala Leu Ile Cys Gly Phe Gly Ala Pro Leu Leu Ala Arg Leu  
450 455 460

Leu Phe Tyr Leu Glu Arg Cys Asp Ala Gly Ala Phe Thr Gly Gly His  
465 470 475 480

Gly Asp Ala Leu Lys Tyr Val Thr Gly Thr Phe Asp Ser Glu Ile Pro  
485 490 495

Cys Ser Leu Cys Glu Lys His Thr Arg Pro Val Cys Ala His Thr Thr  
500 505 510

Val His Arg Leu Arg Gln Arg Met Pro Arg Phe Gly Gln Ala Thr Arg  
515 520 525

Gln Pro Ile Gly Val Phe Gly Thr Met Asn Ser Gln Tyr Ser Asp Cys  
530 535 540

Asp Pro Leu Gly Asn Tyr Ala Pro Tyr Leu Ile Leu Arg Lys Pro Gly  
545 550 555 560

Asp Gln Thr Glu Ala Ala Lys Ala Thr Met Gln Asp Thr Tyr Arg Ala  
565 570 575

Thr Leu Glu Arg Leu Phe Ile Asp Leu Glu Gln Glu Arg Leu Leu Asp  
580 585 590

Arg Gly Ala Pro Cys Ser Ser Glu Gly Leu Ser Ser Val Ile Val Asp  
595 600 605

His Pro Thr Phe Arg Arg Ile Leu Asp Thr Leu Arg Ala Arg Ile Glu  
610 615 620

Gln Thr Thr Thr Gln Phe Met Lys Val Leu Val Glu Thr Arg Asp Tyr  
625 630 635 640

Lys Ile Arg Glu Gly Leu Ser Glu Ala Thr His Ser Met Ala Leu Thr  
645 650 655

Phe Asp Pro Tyr Ser Gly Ala Phe Cys Pro Ile Thr Asn Phe Leu Val  
660 665 670

Lys Arg Thr His Leu Ala Val Val Gln Asp Leu Ala Leu Ser Gln Cys  
675 680 685

His Cys Val Phe Tyr Gly Gln Gln Val Glu Gly Arg Asn Phe Arg Asn  
690 695 700

Gln Phe Gln Pro Val Leu Arg Arg Arg Phe Val Asp Leu Phe Asn Gly  
705 710 715 720

Gly Phe Ile Ser Thr Arg Ser Ile Thr Val Thr Leu Ser Glu Gly Pro  
725 730 735

Val Ser Ala Pro Asn Pro Thr Leu Gly Gln Asp Ala Pro Ala Gly Arg  
740 745 750

Thr Phe Asp Gly Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Glu Val Ile Arg Asp  
755 760 765

Ile Arg Val Lys Asn Arg Val Val Phe Ser Gly Asn Cys Thr Asn Leu  
770 775 780

Ser Glu Ala Ala Arg Ala Arg Leu Val Gly Leu Ala Ser Ala Tyr Gln  
785 790 795 800

Arg Gln Glu Lys Arg Val Asp Met Leu His Gly Ala Leu Gly Phe Leu  
805 810 815

Leu Lys Gln Phe His Gly Leu Leu Phe Pro Arg Gly Met Pro Pro Asn  
820 825 830

Ser Lys Ser Pro Asn Pro Gln Trp Phe Trp Thr Leu Leu Gln Arg Asn

835

840

845

Gln Met Pro Ala Asp Lys Leu Thr His Glu Glu Ile Thr Thr Ile Ala  
850 855 860

Ala Val Lys Arg Phe Thr Glu Glu Tyr Ala Ala Ile Asn Phe Ile Asn  
865 870 875 880

Leu Pro Pro Thr Cys Ile Gly Glu Leu Ala Gln Phe Tyr Met Ala Asn  
885 890 895

Leu Ile Leu Lys Tyr Cys Asp His Ser Gln Tyr Leu Ile Asn Thr Leu  
900 905 910

Thr Ser Ile Ile Thr Gly Ala Arg Arg Pro Arg Asp Pro Ser Ser Val  
915 920 925

Leu His Trp Ile Arg Lys Asp Val Thr Ser Ala Ala Asp Ile Glu Thr  
930 935 940

Gln Ala Lys Ala Leu Leu Glu Lys Thr Glu Asn Leu Pro Glu Leu Trp  
945 950 955 960

Thr Thr Ala Phe Thr Ser Thr His Leu Val Arg Ala Ala Met Asn Gln  
965 970 975

Arg Pro Met Val Val Leu Gly Ile Ser Ile Ser Lys Tyr His Gly Ala  
980 985 990

Ala Gly Asn Asn Arg Val Phe Gln Ala Gly Asn Trp Ser Gly Leu Asn  
995 1000 1005

Gly Gly Lys Asn Val Cys Pro Leu Phe Thr Phe Asp Arg Thr Arg  
1010 1015 1020

Arg Phe Ile Ile Ala Cys Pro Arg Gly Gly Phe Ile Cys Pro Val  
1025 1030 1035

Thr Gly Pro Ser Ser Gly Asn Arg Glu Thr Thr Leu Ser Asp Gln  
1040 1045 1050

Val Arg Gly Ile Ile Val Ser Gly Gly Ala Met Val Gln Leu Ala  
1055 1060 1065

Ile Tyr Ala Thr Val Val Arg Ala Val Gly Ala Arg Ala Gln His  
1070 1075 1080

Met Ala Phe Asp Asp Trp Leu Ser Leu Thr Asp Asp Glu Phe Leu  
1085 1090 1095

Ala Arg Asp Leu Glu Glu Leu His Asp Gln Ile Ile Gln Thr Leu  
1100 1105 1110

Glu Thr Pro Trp Thr Val Glu Gly Ala Leu Glu Ala Val Lys Ile  
1115 1120 1125

Leu Asp Glu Lys Thr Thr Ala Gly Asp Gly Glu Thr Pro Thr Asn  
1130 1135 1140

Leu Ala Phe Asn Phe Asp Ser Cys Glu Pro Ser His Asp Thr Thr  
1145 1150 1155

Ser Asn Val Leu Asn Ile Ser Gly Ser Asn Ile Ser Gly Ser Thr  
1160 1165 1170

Val Pro Gly Leu Lys Arg Pro Pro Glu Asp Asp Glu Leu Phe Asp  
1175 1180 1185

Leu Ser Gly Ile Pro Ile Lys His Gly Asn Ile Thr Met Glu Met  
1190 1195 1200

Ile



<211> 770  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 22

Met Glu Leu Asp Ile Asn Arg Thr Leu Leu Val Leu Leu Gly Gln Val  
1 5 10 15

Tyr Thr Tyr Ile Phe Gln Val Glu Leu Leu Arg Arg Cys Asp Pro Arg  
20 25 30

Val Ala Cys Arg Phe Leu Tyr Arg Leu Ala Ala Asn Cys Leu Thr Val  
35 40 45

Arg Tyr Leu Leu Lys Leu Phe Leu Arg Gly Phe Asn Thr Gln Leu Lys  
50 55 60

Phe Gly Asn Thr Pro Thr Val Cys Ala Leu His Trp Ala Leu Cys Tyr  
65 70 75 80

Val Lys Gly Glu Gly Glu Arg Leu Phe Glu Leu Leu Gln His Phe Lys  
85 90 95

Thr Arg Phe Val Tyr Gly Glu Thr Lys Asp Ser Asn Cys Ile Lys Asp  
100 105 110

Tyr Phe Val Ser Ala Phe Asn Leu Lys Thr Cys Gln Tyr His His Glu  
115 120 125

Leu Ser Leu Thr Thr Tyr Gly Gly Tyr Val Ser Ser Glu Ile Gln Phe  
130 135 140

Leu His Asp Ile Glu Asn Phe Leu Lys Gln Leu Asn Tyr Cys Tyr Ile  
145 150 155 160

Ile Thr Ser Ser Arg Glu Ala Leu Asn Thr Leu Glu Thr Val Thr Arg  
165 170 175

Phe Met Thr Asp Thr Ile Gly Ser Gly Leu Ile Pro Pro Val Glu Leu  
180 185 190

Phe Asp Pro Ala His Pro Cys Ala Ile Cys Phe Glu Glu Leu Cys Ile  
195 200 205

Thr Ala Asn Gln Gly Glu Thr Leu His Arg Arg Leu Leu Gly Cys Ile  
210 215 220

Cys Asp His Val Thr Lys Gln Val Arg Val Asn Val Asp Val Asp Asp  
225 230 235 240

Ile Ile Arg Cys Leu Pro Tyr Ile Pro Asp Val Pro Asp Ile Lys Arg  
245 250 255

Gln Ser Ala Val Glu Ala Leu Arg Thr Leu Gln Thr Lys Thr Val Val  
260 265 270

Asn Pro Met Gly Ala Lys Asn Asp Thr Phe Asp Gln Thr Tyr Glu Ile  
275 280 285

Ala Ser Thr Met Leu Asp Ser Tyr Asn Val Phe Lys Pro Ala Pro Arg  
290 295 300

Cys Met Tyr Ala Ile Ser Glu Leu Lys Phe Trp Leu Thr Ser Asn Ser  
305 310 315 320

Thr Glu Gly Pro Gln Arg Thr Leu Asp Val Phe Val Asp Asn Leu Asp  
325 330 335

Val Leu Asn Glu His Glu Lys His Ala Glu Leu Thr Ala Val Thr Val  
340 345 350

Glu Leu Ala Leu Phe Gly Lys Thr Pro Ile His Phe Asp Arg Ala Phe  
355 360 365

Ser Glu Glu Leu Gly Ser Leu Asp Ala Ile Asp Ser Ile Leu Val Gly  
370 375 380

Asn Arg Ser Ser Ser Pro Asp Ser Gln Ile Glu Ala Leu Ile Lys Ala  
385 390 395 400

Cys Tyr Ala His His Leu Ser Ser Pro Leu Met Arg His Ile Ser Asn  
405 410 415

Pro Ser His Asp Asn Glu Ala Ala Leu Arg Gln Leu Leu Glu Arg Val  
420 425 430

Gly Cys Glu Asp Asp Leu Thr Lys Glu Ala Ser Asp Ser Ala Thr Ala  
435 440 445

Ser Glu Cys Asp Leu Asn Asp Asp Ser Ser Ile Thr Phe Ala Val His  
450 455 460

Gly Trp Glu Asn Leu Leu Ser Lys Ala Lys Ile Asp Ala Ala Glu Arg  
465 470 475 480

Lys Arg Val Tyr Leu Glu His Leu Ser Lys Arg Ser Leu Thr Ser Leu  
485 490 495

Gly Arg Cys Ile Arg Glu Gln Arg Gln Glu Leu Glu Lys Thr Leu Arg  
500 505 510

Val Asn Val Tyr Gly Glu Ala Leu Leu Gln Thr Phe Val Ser Met Gln  
515 520 525

Asn Gly Phe Gly Ala Arg Asn Val Phe Leu Ala Lys Val Ser Gln Ala  
530 535 540

Gly Cys Ile Ile Asp Asn Arg Ile Gln Glu Ala Ala Phe Asp Ala His  
545 550 555 560

Arg Phe Ile Arg Asn Thr Leu Val Arg His Thr Val Asp Ala Ala Met  
565 570 575

Leu Pro Ala Leu Thr His Lys Phe Phe Glu Leu Val Asn Gly Pro Leu  
580 585 590

Phe Asn His Asp Glu His Arg Phe Ala Gln Pro Pro Asn Thr Ala Leu  
595 600 605

Phe Phe Thr Val Glu Asn Val Gly Leu Phe Pro His Leu Lys Glu Glu  
610 615 620

Leu Ala Lys Phe Met Gly Gly Val Val Gly Ser Asn Trp Leu Leu Ser  
625 630 635 640

Pro Phe Arg Gly Phe Tyr Cys Phe Ser Gly Val Glu Gly Val Thr Phe  
645 650 655

Ala Gln Arg Leu Ala Trp Lys Tyr Ile Arg Glu Leu Val Phe Ala Thr  
660 665 670

Thr Leu Phe Thr Ser Val Phe His Cys Gly Glu Val Arg Leu Cys Arg  
675 680 685

Val Asp Arg Leu Gly Lys Asp Pro Arg Gly Cys Thr Ser Gln Pro Lys  
690 695 700

Gly Ile Gly Ser Ser His Gly Pro Leu Asp Gly Ile Tyr Leu Thr Tyr  
705 710 715 720

Glu Glu Thr Cys Pro Leu Val Ala Ile Ile Gln Ser Gly Glu Thr Gly  
725 730 735

Ile Asp Gln Asn Thr Val Val Ile Tyr Asp Ser Asp Val Phe Ser Leu  
740 745 750

Leu Tyr Thr Leu Met Gln Arg Leu Ala Pro Asp Ser Thr Asp Pro Ala  
755 760 765

Phe Ser  
770

<210> 23  
<211> 868  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 23

Met Phe Val Thr Ala Val Val Ser Val Ser Pro Ser Ser Phe Tyr Glu  
1 5 10 15

Ser Leu Gln Val Glu Pro Thr Gln Ser Glu Asp Ile Thr Arg Ser Ala  
20 25 30

His Leu Gly Asp Gly Asp Glu Ile Arg Glu Ala Ile His Lys Ser Gln  
35 40 45

Asp Ala Glu Thr Lys Pro Thr Phe Tyr Val Cys Pro Pro Pro Thr Gly  
50 55 60

Ser Thr Ile Val Arg Leu Glu Pro Thr Arg Thr Cys Pro Asp Tyr His  
65 70 75 80

Leu Gly Lys Asn Phe Thr Glu Gly Ile Ala Val Val Tyr Lys Glu Asn  
85 90 95

Ile Ala Ala Tyr Lys Phe Lys Ala Thr Val Tyr Tyr Lys Asp Val Ile  
100 105 110

Val Ser Thr Ala Trp Ala Gly Ser Ser Tyr Thr Gln Ile Thr Asn Arg  
115 120 125

Tyr Ala Asp Arg Val Pro Ile Pro Val Ser Glu Ile Thr Asp Thr Ile  
130 135 140

Asp Lys Phe Gly Lys Cys Ser Ser Lys Ala Thr Tyr Val Arg Asn Asn  
145 150 155 160

His Lys Val Glu Ala Phe Asn Glu Asp Lys Asn Pro Gln Asp Met Pro



165 170 175

Leu Ile Ala Ser Lys Tyr Asn Ser Val Gly Ser Lys Ala Trp His Thr  
180 185 190

Thr Asn Asp Thr Tyr Met Val Ala Gly Thr Pro Gly Thr Tyr Arg Thr  
195 200 205

Gly Thr Ser Val Asn Cys Ile Ile Glu Glu Val Glu Ala Arg Ser Ile  
210 215 220

Phe Pro Tyr Asp Ser Phe Gly Leu Ser Thr Gly Asp Ile Ile Tyr Met  
225 230 235 240

Ser Pro Phe Phe Gly Leu Arg Asp Gly Ala Tyr Arg Glu His Ser Asn  
245 250 255

Tyr Ala Met Asp Arg Phe His Gln Phe Glu Gly Tyr Arg Gln Arg Asp  
260 265 270

Leu Asp Thr Arg Ala Leu Leu Glu Pro Ala Ala Arg Asn Phe Leu Val  
275 280 285

Thr Pro His Leu Thr Val Gly Trp Asn Trp Lys Pro Lys Arg Thr Glu  
290 295 300

Val Cys Ser Leu Val Lys Trp Arg Glu Val Glu Asp Val Val Arg Asp  
305 310 315 320

Glu Tyr Ala His Asn Phe Arg Phe Thr Met Lys Thr Leu Ser Thr Thr  
325 330 335

Phe Ile Ser Glu Thr Asn Glu Phe Asn Leu Asn Gln Ile His Leu Ser  
340 345 350

Gln Cys Val Lys Glu Glu Ala Arg Ala Ile Ile Asn Arg Ile Tyr Thr  
355 360 365

Thr Arg Tyr Asn Ser Ser His Val Arg Thr Gly Asp Ile Gln Thr Tyr  
370 375 380

Leu Ala Arg Gly Gly Phe Val Val Val Phe Gln Pro Leu Leu Ser Asn  
385 390 395 400

Ser Leu Ala Arg Leu Tyr Leu Gln Glu Leu Val Arg Glu Asn Thr Asn  
405 410 415

His Ser Pro Gln Lys His Pro Thr Arg Asn Thr Arg Ser Arg Arg Ser  
420 425 430

Val Pro Val Glu Leu Arg Ala Asn Arg Thr Ile Thr Thr Thr Ser Ser  
435 440 445

Val Glu Phe Ala Met Leu Gln Phe Thr Tyr Asp His Ile Gln Glu His  
450 455 460

Val Asn Glu Met Leu Ala Arg Ile Ser Ser Ser Trp Cys Gln Leu Gln  
465 470 475 480

Asn Arg Glu Arg Ala Leu Trp Ser Gly Leu Phe Pro Ile Asn Pro Ser  
485 490 495

Ala Leu Ala Ser Thr Ile Leu Asp Gln Arg Val Lys Ala Arg Ile Leu  
500 505 510

Gly Asp Val Ile Ser Val Ser Asn Cys Pro Glu Leu Gly Ser Asp Thr  
515 520 525

Arg Ile Ile Leu Gln Asn Ser Met Arg Val Ser Gly Ser Thr Thr Arg  
530 535 540

Cys Tyr Ser Arg Pro Leu Ile Ser Ile Val Ser Leu Asn Gly Ser Gly  
545 550 555 560

Thr Val Glu Gly Gln Leu Gly Thr Asp Asn Glu Leu Ile Met Ser Arg

565

570

575

Asp Leu Leu Glu Pro Cys Val Ala Asn His Lys Arg Tyr Phe Leu Phe  
580 585 590

Gly His His Tyr Val Tyr Tyr Glu Asp Tyr Arg Tyr Val Arg Glu Ile  
595 600 605

Ala Val His Asp Val Gly Met Ile Ser Thr Tyr Val Asp Leu Asn Leu  
610 615 620

Thr Leu Leu Lys Asp Arg Glu Phe Met Pro Leu Gln Val Tyr Thr Arg  
625 630 635 640

Asp Glu Leu Arg Asp Thr Gly Leu Leu Asp Tyr Ser Glu Ile Gln Arg  
645 650 655

Arg Asn Gln Met His Ser Leu Arg Phe Tyr Asp Ile Asp Lys Val Val  
660 665 670

Gln Tyr Asp Ser Gly Thr Ala Ile Met Gln Gly Met Ala Gln Phe Phe  
675 680 685

Gln Gly Leu Gly Thr Ala Gly Gln Ala Val Gly His Val Val Leu Gly  
690 695 700

Ala Thr Gly Ala Leu Leu Ser Thr Val His Gly Phe Thr Thr Phe Leu  
705 710 715 720

Ser Asn Pro Phe Gly Ala Leu Ala Val Gly Leu Leu Val Leu Ala Gly  
725 730 735

Leu Val Ala Ala Phe Phe Ala Tyr Arg Tyr Val Leu Lys Leu Lys Thr  
740 745 750

Ser Pro Met Lys Ala Leu Tyr Pro Leu Thr Thr Lys Gly Leu Lys Gln  
755 760 765

Leu Pro Glu Gly Met Asp Pro Phe Ala Glu Lys Pro Asn Ala Thr Asp  
 770 775 780

Thr Pro Ile Glu Glu Ile Gly Asp Ser Gln Asn Thr Glu Pro Ser Val  
 785 790 795 800

Asn Ser Gly Phe Asp Pro Asp Lys Phe Arg Glu Ala Gln Glu Met Ile  
 805 810 815

Lys Tyr Met Thr Leu Val Ser Ala Ala Glu Arg Gln Glu Ser Lys Ala  
 820 825 830

Arg Lys Lys Asn Lys Thr Ser Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Thr Gly  
 835 840 845

Leu Ala Leu Arg Asn Arg Arg Gly Tyr Ser Arg Val Arg Thr Glu Asn  
 850 855 860

Val Thr Gly Val  
 865

<210> 24  
 <211> 143  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 24

Met Glu Ser Ser Asn Ile Asn Ala Leu Gln Gln Pro Ser Ser Ile Ala  
 1 5 10 15

His His Pro Ser Lys Gln Cys Ala Ser Ser Leu Asn Glu Thr Val Lys  
 20 25 30

Asp Ser Pro Pro Ala Ile Tyr Glu Asp Arg Leu Glu His Thr Pro Val  
 35 40 45

Gln Leu Pro Arg Asp Gly Thr Pro Arg Asp Val Cys Ser Val Gly Gln  
 50 55 60

Leu Thr Cys Arg Ala Cys Ala Thr Lys Pro Phe Arg Leu Asn Arg Asp  
65 70 75 80

Ser Gln Tyr Asp Tyr Leu Asn Thr Cys Pro Gly Gly Arg His Ile Ser  
85 90 95

Leu Ala Leu Glu Ile Ile Thr Gly Arg Trp Val Cys Ile Pro Arg Val  
100 105 110

Phe Pro Asp Thr Pro Glu Glu Lys Trp Met Ala Pro Tyr Ile Ile Pro  
115 120 125

Asp Arg Glu Gln Pro Ser Ser Gly Asp Glu Asp Ser Asp Thr Asp  
130 135 140

<210> 25  
<211> 341  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 25

Met Ser Thr Asp Lys Thr Asp Val Lys Met Gly Val Leu Arg Ile Tyr  
1 5 10 15

Leu Asp Gly Ala Tyr Gly Ile Gly Lys Thr Thr Ala Ala Glu Glu Phe  
20 25 30

Leu His His Phe Ala Ile Thr Pro Asn Arg Ile Leu Leu Ile Gly Glu  
35 40 45

Pro Leu Ser Tyr Trp Arg Asn Leu Ala Gly Glu Asp Ala Ile Cys Gly  
50 55 60

Ile Tyr Gly Thr Gln Thr Arg Arg Leu Asn Gly Asp Val Ser Pro Glu  
65 70 75 80

Asp Ala Gln Arg Leu Thr Ala His Phe Gln Ser Leu Phe Cys Ser Pro



85

90

95

His Ala Ile Met His Ala Lys Ile Ser Ala Leu Met Asp Thr Ser Thr  
100 105 110

Ser Asp Leu Val Gln Val Asn Lys Glu Pro Tyr Lys Ile Met Leu Ser  
115 120 125

Asp Arg His Pro Ile Ala Ser Thr Ile Cys Phe Pro Leu Ser Arg Tyr  
130 135 140

Leu Val Gly Asp Met Ser Pro Ala Ala Leu Pro Gly Leu Leu Phe Thr  
145 150 155 160

Leu Pro Ala Glu Pro Pro Gly Thr Asn Leu Val Val Cys Thr Val Ser  
165 170 175

Leu Pro Ser His Leu Ser Arg Val Ser Lys Arg Ala Arg Pro Gly Glu  
180 185 190

Thr Val Asn Leu Pro Phe Val Met Val Leu Arg Asn Val Tyr Ile Met  
195 200 205

Leu Ile Asn Thr Ile Ile Phe Leu Lys Thr Asn Asn Trp His Ala Gly  
210 215 220

Trp Asn Thr Leu Ser Phe Cys Asn Asp Val Phe Lys Gln Lys Leu Gln  
225 230 235 240

Lys Ser Glu Cys Ile Lys Leu Arg Glu Val Pro Gly Ile Glu Asp Thr  
245 250 255

Leu Phe Ala Val Leu Lys Leu Pro Glu Leu Cys Gly Glu Phe Gly Asn  
260 265 270

Ile Leu Pro Leu Trp Ala Trp Gly Met Glu Thr Leu Ser Asn Cys Ser  
275 280 285

Arg Ser Met Ser Pro Phe Val Leu Ser Leu Glu Gln Thr Pro Gln His  
290 295 300

Ala Ala Gln Glu Leu Lys Thr Leu Leu Pro Gln Met Thr Pro Ala Asn  
305 310 315 320

Met Ser Ser Gly Ala Trp Asn Ile Leu Lys Glu Leu Val Asn Ala Val  
325 330 335

Gln Asp Asn Thr Ser  
340

<210> 26  
<211> 841  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 26

Met Phe Ala Leu Val Leu Ala Val Val Ile Leu Pro Leu Trp Thr Thr  
1 5 10 15

Ala Asn Lys Ser Tyr Val Thr Pro Thr Pro Ala Thr Arg Ser Ile Gly  
20 25 30

His Met Ser Ala Leu Leu Arg Glu Tyr Ser Asp Arg Asn Met Ser Leu  
35 40 45

Lys Leu Glu Ala Phe Tyr Pro Thr Gly Phe Asp Glu Glu Leu Ile Lys  
50 55 60

Ser Leu His Trp Gly Asn Asp Arg Lys His Val Phe Leu Val Ile Val  
65 70 75 80

Lys Val Asn Pro Thr Thr His Glu Gly Asp Val Gly Leu Val Ile Phe  
85 90 95

Pro Lys Tyr Leu Leu Ser Pro Tyr His Phe Lys Ala Glu His Arg Ala  
100 105 110

Pro Phe Pro Ala Gly Arg Phe Gly Phe Leu Ser His Pro Val Thr Pro  
115 120 125

Asp Val Ser Phe Phe Asp Ser Ser Phe Ala Pro Tyr Leu Thr Thr Gln  
130 135 140

His Leu Val Ala Phe Thr Thr Phe Pro Pro Asn Pro Leu Val Trp His  
145 150 155 160

Leu Glu Arg Ala Glu Thr Ala Ala Thr Ala Glu Arg Pro Phe Gly Val  
165 170 175

Ser Leu Leu Pro Ala Arg Pro Thr Val Pro Lys Asn Thr Ile Leu Glu  
180 185 190

His Lys Ala His Phe Ala Thr Trp Asp Ala Leu Ala Arg His Thr Phe  
195 200 205

Phe Ser Ala Glu Ala Ile Ile Thr Asn Ser Thr Leu Arg Ile His Val  
210 215 220

Pro Leu Phe Gly Ser Val Trp Pro Ile Arg Tyr Trp Ala Thr Gly Ser  
225 230 235 240

Val Leu Leu Thr Ser Asp Ser Gly Arg Val Glu Val Asn Ile Gly Val  
245 250 255

Gly Phe Met Ser Ser Leu Ile Ser Leu Ser Ser Gly Pro Pro Ile Glu  
260 265 270

Leu Ile Val Val Pro His Thr Val Lys Leu Asn Ala Val Thr Ser Asp  
275 280 285

Thr Thr Trp Phe Gln Leu Asn Pro Pro Gly Pro Asp Pro Gly Pro Ser  
290 295 300

Tyr Arg Val Tyr Leu Leu Gly Arg Gly Leu Asp Met Asn Phe Ser Lys  
305 310 315 320

His Ala Thr Val Asp Ile Cys Ala Tyr Pro Glu Glu Ser Leu Asp Tyr  
325 330 335

Arg Tyr His Leu Ser Met Ala His Thr Glu Ala Leu Arg Met Thr Thr  
340 345 350

Lys Ala Asp Gln His Asp Ile Asn Glu Glu Ser Tyr Tyr His Ile Ala  
355 360 365

Ala Arg Ile Ala Thr Ser Ile Phe Ala Leu Ser Glu Met Gly Arg Thr  
370 375 380

Thr Glu Tyr Phe Leu Leu Asp Glu Ile Val Asp Val Gln Tyr Gln Leu  
385 390 395 400

Lys Phe Leu Asn Tyr Ile Leu Met Arg Ile Gly Ala Gly Ala His Pro  
405 410 415

Asn Thr Ile Ser Gly Thr Ser Asp Leu Ile Phe Ala Asp Pro Ser Gln  
420 425 430

Leu His Asp Glu Leu Ser Leu Leu Phe Gly Gln Val Lys Pro Ala Asn  
435 440 445

Val Asp Tyr Phe Ile Ser Tyr Asp Glu Ala Arg Asp Gln Leu Lys Thr  
450 455 460

Ala Tyr Ala Leu Ser Arg Gly Gln Asp His Val Asn Ala Leu Ser Leu  
465 470 475 480

Ala Arg Arg Val Ile Met Ser Ile Tyr Lys Gly Leu Leu Val Lys Gln  
485 490 495

Asn Leu Asn Ala Thr Glu Arg Gln Ala Leu Phe Phe Ala Ser Met Ile  
500 505 510

Leu Leu Asn Phe Arg Glu Gly Leu Glu Asn Ser Ser Arg Val Leu Asp  
515 520 525

Gly Arg Thr Thr Leu Leu Leu Met Thr Ser Met Cys Thr Ala Ala His  
530 535 540

Ala Thr Gln Ala Ala Leu Asn Ile Gln Glu Gly Leu Ala Tyr Leu Asn  
545 550 555 560

Pro Ser Lys His Met Phe Thr Ile Pro Asn Val Tyr Ser Pro Cys Met  
565 570 575

Gly Ser Leu Arg Thr Asp Leu Thr Glu Glu Ile His Val Met Asn Leu  
580 585 590

Leu Ser Ala Ile Pro Thr Arg Pro Gly Leu Asn Glu Val Leu His Thr  
595 600 605

Gln Leu Asp Glu Ser Glu Ile Phe Asp Ala Ala Phe Lys Thr Met Met  
610 615 620

Ile Phe Thr Thr Trp Thr Ala Lys Asp Leu His Ile Leu His Thr His  
625 630 635 640

Val Pro Glu Val Phe Thr Cys Gln Asp Ala Ala Ala Arg Asn Gly Glu  
645 650 655

Tyr Val Leu Ile Leu Pro Ala Val Gln Gly His Ser Tyr Val Ile Thr  
660 665 670

Arg Asn Lys Pro Gln Arg Gly Leu Val Tyr Ser Leu Ala Asp Val Asp  
675 680 685

Val Tyr Asn Pro Ile Ser Val Val Tyr Leu Ser Arg Asp Thr Cys Val  
690 695 700



Ser Glu His Gly Val Ile Glu Thr Val Ala Leu Pro His Pro Asp Asn  
705 710 715 720

Leu Lys Glu Cys Leu Tyr Cys Gly Ser Val Phe Leu Arg Tyr Leu Thr  
725 730 735

Thr Gly Ala Ile Met Asp Ile Ile Ile Ile Asp Ser Lys Asp Thr Glu  
740 745 750

Arg Gln Leu Ala Ala Met Gly Asn Ser Thr Ile Pro Pro Phe Asn Pro  
755 760 765

Asp Met His Gly Asp Asp Ser Lys Ala Val Leu Leu Phe Pro Asn Gly  
770 775 780

Thr Val Val Thr Leu Leu Gly Phe Glu Arg Arg Gln Ala Ile Arg Met  
785 790 795 800

Ser Gly Gln Tyr Leu Gly Ala Ser Leu Gly Gly Ala Phe Leu Ala Val  
805 810 815

Val Gly Phe Gly Ile Ile Gly Trp Met Leu Cys Gly Asn Ser Arg Leu  
820 825 830

Arg Glu Tyr Asn Lys Ile Pro Leu Thr  
835 840

<210> 27  
<211> 240  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 27

Met Asn Pro Pro Gln Ala Arg Val Ser Glu Gln Thr Lys Asp Leu Leu  
1 5 10 15

Ser Val Met Val Asn Gln His Pro Glu Glu Asp Ala Lys Val Cys Lys  
20 25 30

Ser Ser Asp Asn Ser Pro Leu Tyr Asn Thr Met Val Met Leu Ser Tyr  
 35 40 45

Gly Gly Asp Thr Asp Leu Leu Leu Ser Ser Ala Cys Thr Arg Thr Ser  
 50 55 60

Thr Val Asn Arg Ser Ala Phe Thr Gln His Ser Val Phe Tyr Ile Ile  
 65 70 75 80

Ser Thr Val Leu Ile Gln Pro Ile Cys Cys Ile Phe Phe Phe Phe Tyr  
 85 90 95

Tyr Lys Ala Thr Arg Cys Met Leu Leu Phe Thr Ala Gly Leu Leu Leu  
 100 105 110

Thr Ile Leu His His Phe Arg Leu Ile Ile Met Leu Leu Cys Val Tyr  
 115 120 125

Arg Asn Ile Arg Ser Asp Leu Leu Pro Leu Ser Thr Ser Gln Gln Leu  
 130 135 140

Leu Leu Gly Ile Ile Val Val Thr Arg Thr Met Leu Phe Cys Ile Thr  
 145 150 155 160

Ala Tyr Tyr Thr Leu Phe Ile Asp Thr Arg Val Phe Phe Leu Ile Thr  
 165 170 175

Gly His Leu Gln Ser Glu Val Ile Phe Pro Asp Ser Val Ser Lys Ile  
 180 185 190

Leu Pro Val Ser Trp Gly Pro Ser Pro Ala Val Leu Leu Val Met Ala  
 195 200 205

Ala Val Ile Tyr Ala Met Asp Cys Leu Val Asp Thr Val Ser Phe Ile  
 210 215 220

Gly Pro Arg Val Trp Val Arg Val Met Leu Lys Thr Ser Ile Ser Phe

225

230

235

240

&lt;210&gt; 28

&lt;211&gt; 1396

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 28

Met Thr Thr Val Ser Cys Pro Ala Asn Val Ile Thr Thr Thr Glu Ser  
1 5 10 15

Asp Arg Ile Ala Gly Leu Phe Asn Ile Pro Ala Gly Ile Ile Pro Thr  
20 25 30

Gly Asn Val Leu Ser Thr Ile Glu Val Cys Ala His Arg Cys Ile Phe  
35 40 45

Asp Phe Phe Lys Gln Ile Arg Ser Asp Asp Asn Ser Leu Tyr Ser Ala  
50 55 60

Gln Phe Asp Ile Leu Leu Gly Thr Tyr Cys Asn Thr Leu Asn Phe Val  
65 70 75 80

Arg Phe Leu Glu Leu Gly Leu Ser Val Ala Cys Ile Cys Thr Lys Phe  
85 90 95

Pro Glu Leu Ala Tyr Val Arg Asp Gly Val Ile Gln Phe Glu Val Gln  
100 105 110

Gln Pro Met Ile Ala Arg Asp Gly Pro His Pro Val Asp Gln Pro Val  
115 120 125

His Asn Tyr Met Val Lys Arg Ile His Lys Arg Ser Leu Ser Ala Ala  
130 135 140

Phe Ala Ile Ala Ser Glu Ala Leu Ser Leu Leu Ser Asn Thr Tyr Val  
145 150 155 160

Asp Gly Thr Glu Ile Asp Ser Ser Leu Arg Ile Arg Ala Ile Gln Gln  
165 170 175

Met Ala Arg Asn Leu Arg Thr Val Leu Asp Ser Phe Glu Arg Gly Thr  
180 185 190

Ala Asp Gln Leu Leu Gly Val Leu Leu Glu Lys Ala Pro Pro Leu Ser  
195 200 205

Leu Leu Ser Pro Ile Asn Lys Phe Gln Pro Glu Gly His Leu Asn Arg  
210 215 220

Val Ala Arg Ala Ala Leu Leu Ser Asp Leu Lys Arg Arg Val Cys Ala  
225 230 235 240

Asp Met Phe Phe Met Thr Arg His Ala Arg Glu Pro Arg Leu Ile Ser  
245 250 255

Ala Tyr Leu Ser Asp Met Val Ser Cys Thr Gln Pro Ser Val Met Val  
260 265 270

Ser Arg Ile Thr His Thr Asn Thr Arg Gly Arg Gln Val Asp Gly Val  
275 280 285

Leu Val Thr Thr Ala Thr Leu Lys Arg Gln Leu Leu Gln Gly Ile Leu  
290 295 300

Gln Ile Asp Asp Thr Ala Ala Asp Val Pro Val Thr Tyr Gly Glu Met  
305 310 315 320

Val Leu Gln Gly Thr Asn Leu Val Thr Ala Leu Val Met Gly Lys Ala  
325 330 335

Val Arg Gly Met Asp Asp Val Ala Arg His Leu Leu Asp Ile Thr Asp  
340 345 350

Pro Asn Thr Leu Asn Ile Pro Ser Ile Pro Pro Gln Ser Asn Ser Asp  
355 360 365

Ser Thr Thr Ala Gly Leu Pro Val Asn Ala Arg Val Pro Ala Asp Leu  
370 375 380

Val Ile Val Gly Asp Lys Leu Val Phe Leu Glu Ala Leu Glu Arg Arg  
385 390 395 400

Val Tyr Gln Ala Thr Arg Val Ala Tyr Pro Leu Ile Gly Asn Ile Asp  
405 410 415

Ile Thr Phe Ile Met Pro Met Gly Val Phe Gln Ala Asn Ser Met Asp  
420 425 430

Arg Tyr Thr Arg His Ala Gly Asp Phe Ser Thr Val Ser Glu Gln Asp  
435 440 445

Pro Arg Gln Phe Pro Pro Gln Gly Ile Phe Phe Tyr Asn Lys Asp Gly  
450 455 460

Ile Leu Thr Gln Leu Thr Leu Arg Asp Ala Met Gly Thr Ile Cys His  
465 470 475 480

Ser Ser Leu Leu Asp Val Glu Ala Thr Leu Val Ala Leu Arg Gln Gln  
485 490 495

His Leu Asp Arg Gln Cys Tyr Phe Gly Val Tyr Val Ala Glu Gly Thr  
500 505 510

Glu Asp Thr Leu Asp Val Gln Met Gly Arg Phe Met Glu Thr Trp Ala  
515 520 525

Asp Met Met Pro His His Pro His Trp Val Asn Glu His Leu Thr Ile  
530 535 540

Leu Gln Phe Ile Ala Pro Ser Asn Pro Arg Leu Arg Phe Glu Leu Asn  
545 550 555 560



Pro Ala Phe Asp Phe Phe Val Ala Pro Gly Asp Val Asp Leu Pro Gly  
565 570 575

Pro Gln Arg Pro Pro Glu Ala Met Pro Thr Val Asn Ala Thr Leu Arg  
580 585 590

Ile Ile Asn Gly Asn Ile Pro Val Pro Leu Cys Pro Ile Ser Phe Arg  
595 600 605

Asp Cys Arg Gly Thr Gln Leu Gly Leu Gly Arg His Thr Met Thr Pro  
610 615 620

Ala Thr Ile Lys Ala Val Lys Asp Thr Phe Glu Asp Arg Ala Tyr Pro  
625 630 635 640

Thr Ile Phe Tyr Met Leu Glu Ala Val Ile His Gly Asn Glu Arg Asn  
645 650 655

Phe Cys Ala Leu Leu Arg Leu Leu Thr Gln Cys Ile Arg Gly Tyr Trp  
660 665 670

Glu Gln Ser His Arg Val Ala Phe Val Asn Asn Phe His Met Leu Met  
675 680 685

Tyr Ile Thr Thr Tyr Leu Gly Asn Gly Glu Leu Pro Glu Val Cys Ile  
690 695 700

Asn Ile Tyr Arg Asp Leu Leu Gln His Val Arg Ala Leu Arg Gln Thr  
705 710 715 720

Ile Thr Asp Phe Thr Ile Gln Gly Glu Gly His Asn Gly Glu Thr Ser  
725 730 735

Glu Ala Leu Asn Asn Ile Leu Thr Asp Asp Thr Phe Ile Ala Pro Ile  
740 745 750

Leu Trp Asp Cys Asp Ala Leu Ile Tyr Arg Asp Glu Ala Ala Arg Asp  
755 760 765

Arg Leu Pro Ala Ile Arg Val Ser Gly Arg Asn Gly Tyr Gln Ala Leu  
770 775 780

His Phe Val Asp Met Ala Gly His Asn Phe Gln Arg Arg Asp Asn Val  
785 790 795 800

Leu Ile His Gly Arg Pro Val Arg Gly Asp Thr Gly Gln Gly Ile Pro  
805 810 815

Ile Thr Pro His His Asp Arg Glu Trp Gly Ile Leu Ser Lys Ile Tyr  
820 825 830

Tyr Tyr Ile Val Ile Pro Ala Phe Ser Arg Gly Ser Cys Cys Thr Met  
835 840 845

Gly Val Arg Tyr Asp Arg Leu Tyr Pro Ala Leu Gln Ala Val Ile Val  
850 855 860

Pro Glu Ile Pro Ala Asp Glu Glu Ala Pro Thr Thr Pro Glu Asp Pro  
865 870 875 880

Arg His Pro Leu His Ala His Gln Leu Val Pro Asn Ser Leu Asn Val  
885 890 895

Tyr Phe His Asn Ala His Leu Thr Val Asp Gly Asp Ala Leu Leu Thr  
900 905 910

Leu Gln Glu Leu Met Gly Asp Met Ala Glu Arg Thr Thr Ala Ile Leu  
915 920 925

Val Ser Ser Ala Pro Asp Ala Gly Ala Ala Thr Ala Thr Thr Arg Asn  
930 935 940

Met Arg Ile Tyr Asp Gly Ala Leu Tyr His Gly Leu Ile Met Met Ala  
945 950 955 960

Tyr Gln Ala Tyr Asp Glu Thr Ile Ala Thr Gly Thr Phe Phe Tyr Pro  
965 970 975

Val Pro Val Asn Pro Leu Phe Ala Cys Pro Glu His Leu Ala Ser Leu  
980 985 990

Arg Gly Met Thr Asn Ala Arg Arg Val Leu Ala Lys Met Val Pro Pro  
995 1000 1005

Ile Pro Pro Phe Leu Gly Ala Asn His His Ala Thr Ile Arg Gln  
1010 1015 1020

Pro Val Ala Tyr His Val Thr His Ser Lys Ser Asp Phe Asn Thr  
1025 1030 1035

Leu Thr Tyr Ser Leu Leu Gly Gly Tyr Phe Lys Phe Thr Pro Ile  
1040 1045 1050

Ser Leu Thr His Gln Leu Arg Thr Gly Phe His Pro Gly Ile Ala  
1055 1060 1065

Phe Thr Val Val Arg Gln Asp Arg Phe Ala Thr Glu Gln Leu Leu  
1070 1075 1080

Tyr Ala Glu Arg Ala Ser Glu Ser Tyr Phe Val Gly Gln Ile Gln  
1085 1090 1095

Val His His His Asp Ala Ile Gly Gly Val Asn Phe Thr Leu Thr  
1100 1105 1110

Gln Pro Arg Ala His Val Asp Leu Gly Val Gly Tyr Thr Ala Val  
1115 1120 1125

Cys Ala Thr Ala Ala Leu Arg Cys Pro Leu Thr Asp Met Gly Asn  
1130 1135 1140

Thr Ala Gln Asn Leu Phe Phe Ser Arg Gly Gly Val Pro Met Leu  
1145 1150 1155

His Asp Asn Val Thr Glu Ser Leu Arg Arg Ile Thr Ala Ser Gly  
1160 1165 1170

Gly Arg Leu Asn Pro Thr Glu Pro Leu Pro Ile Phe Gly Gly Leu  
1175 1180 1185

Arg Pro Ala Thr Ser Ala Gly Ile Ala Arg Gly Gln Ala Ser Val  
1190 1195 1200

Cys Glu Phe Val Ala Met Pro Val Ser Thr Asp Leu Gln Tyr Phe  
1205 1210 1215

Arg Thr Ala Cys Asn Pro Arg Gly Arg Ala Ser Gly Met Leu Tyr  
1220 1225 1230

Met Gly Asp Arg Asp Ala Asp Ile Glu Ala Ile Met Phe Asp His  
1235 1240 1245

Thr Gln Ser Asp Val Ala Tyr Thr Asp Arg Ala Thr Leu Asn Pro  
1250 1255 1260

Trp Ala Ser Gln Lys His Ser Tyr Gly Asp Arg Leu Tyr Asn Gly  
1265 1270 1275

Thr Tyr Asn Leu Thr Gly Ala Ser Pro Ile Tyr Ser Pro Cys Phe  
1280 1285 1290

Lys Phe Phe Thr Pro Ala Glu Val Asn Thr Asn Cys Asn Thr Leu  
1295 1300 1305

Asp Arg Leu Leu Met Glu Ala Lys Ala Val Ala Ser Gln Ser Ser  
1310 1315 1320

Thr Asp Thr Glu Tyr Gln Phe Lys Arg Pro Pro Gly Ser Thr Glu  
1325 1330 1335

Met Thr Gln Asp Pro Cys Gly Leu Phe Gln Glu Ala Tyr Pro Pro  
 1340 1345 1350

Leu Cys Ser Ser Asp Ala Ala Met Leu Arg Thr Ala His Ala Gly  
 1355 1360 1365

Glu Thr Gly Ala Asp Glu Val His Leu Ala Gln Tyr Leu Ile Arg  
 1370 1375 1380

Asp Ala Ser Pro Leu Arg Gly Cys Leu Pro Leu Pro Arg  
 1385 1390 1395

<210> 29  
 <211> 316  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 29

Met Ala Met Pro Phe Glu Ile Glu Val Leu Leu Pro Gly Glu Leu Ser  
 1 5 10 15

Pro Ala Glu Thr Ser Ala Leu Gln Lys Cys Glu Gly Lys Ile Ile Thr  
 20 25 30

Phe Ser Thr Leu Arg His Arg Ala Ser Leu Val Asp Ile Ala Leu Ser  
 35 40 45

Ser Tyr Tyr Ile Asn Gly Ala Pro Pro Asp Thr Leu Ser Leu Leu Glu  
 50 55 60

Ala Tyr Arg Met Arg Phe Ala Ala Val Ile Thr Arg Val Ile Pro Gly  
 65 70 75 80

Lys Leu Leu Ala His Ala Ile Gly Val Gly Thr Pro Thr Pro Gly Leu  
 85 90 95

Phe Ile Gln Asn Thr Ser Pro Val Asp Leu Cys Asn Gly Asp Tyr Ile  
 100 105 110



Cys Leu Leu Pro Pro Val Phe Gly Ser Ala Asp Ser Ile Arg Leu Asp  
115 120 125

Ser Val Gly Leu Glu Ile Val Phe Pro Leu Thr Ile Pro Gln Thr Leu  
130 135 140

Met Arg Glu Ile Ile Ala Lys Val Val Ala Arg Ala Val Glu Arg Thr  
145 150 155 160

Ala Ala Gly Ala Gln Ile Leu Pro His Glu Val Leu Arg Gly Ala Asp  
165 170 175

Val Ile Cys Tyr Asn Gly Arg Arg Tyr Glu Leu Glu Thr Asn Leu Gln  
180 185 190

His Arg Asp Gly Ser Asp Ala Ala Ile Arg Thr Leu Val Leu Asn Leu  
195 200 205

Met Phe Ser Ile Asn Glu Gly Cys Leu Leu Leu Leu Ala Leu Ile Pro  
210 215 220

Thr Leu Leu Val Gln Gly Ala His Asp Gly Tyr Val Asn Leu Leu Ile  
225 230 235 240

Gln Thr Ala Asn Cys Val Arg Glu Thr Gly Gln Leu Ile Asn Ile Pro  
245 250 255

Pro Met Pro Arg Ile Gln Asp Gly His Arg Arg Phe Pro Ile Tyr Glu  
260 265 270

Thr Ile Ser Ser Trp Ile Ser Thr Ser Ser Arg Leu Gly Asp Thr Leu  
275 280 285

Gly Thr Arg Ala Ile Leu Arg Val Cys Val Phe Asp Gly Pro Ser Thr  
290 295 300

Val His Pro Gly Asp Arg Thr Ala Val Ile Gln Val

305

310

315

&lt;210&gt; 30

&lt;211&gt; 676

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 30

Met Glu Ala His Leu Ala Asn Glu Thr Lys His Ala Leu Trp His Asn  
1 5 10 15

Asp His Thr Lys Gly Leu Leu His Val Val Ile Pro Asn Ala Gly Leu  
20 25 30

Ile Ala Ala Gly Ile Asp Pro Ala Leu Leu Ile Leu Lys Lys Pro Gly  
35 40 45

Gln Arg Phe Lys Val Glu Val Gln Thr Arg Tyr His Ala Thr Gly Gln  
50 55 60

Cys Glu Pro Trp Cys Gln Val Phe Ala Ala Tyr Ile Pro Asp Asn Ala  
65 70 75 80

Leu Thr Asn Leu Leu Ile Pro Lys Thr Glu Pro Phe Val Ser His Val  
85 90 95

Phe Ser Ala Thr His Asn Ser Gly Gly Leu Ile Leu Ser Leu Pro Val  
100 105 110

Tyr Leu Ser Pro Gly Leu Phe Phe Asp Ala Phe Asn Val Val Ala Ile  
115 120 125

Arg Ile Asn Thr Gly Asn Arg Lys His Arg Asp Ile Cys Ile Met Tyr  
130 135 140

Ala Glu Leu Ile Pro Asn Gly Thr Arg Tyr Phe Ala Asp Gly Gln Arg  
145 150 155 160

Val Leu Leu Leu Cys Lys Gln Leu Ile Ala Tyr Ile Arg Cys Thr Pro  
165 170 175

Arg Leu Ala Ser Ser Ile Lys Ile Tyr Ala Glu His Met Val Ala Ala  
180 185 190

Met Gly Glu Ser His Thr Ser Asn Gly Asp Asn Ile Gly Pro Val Ser  
195 200 205

Ser Ile Ile Asp Leu Asp Arg Gln Leu Thr Ser Gly Gly Ile Asp Asp  
210 215 220

Ser Pro Ala Glu Thr Arg Ile Gln Glu Asn Asn Arg Asp Val Leu Glu  
225 230 235 240

Leu Ile Lys Arg Ala Val Asn Ile Val Asn Ser Arg His Pro Val Arg  
245 250 255

Pro Ser Ser Ser Arg Val Ala Ser Gly Leu Leu Gln Ser Ala Lys Gly  
260 265 270

His Gly Ala Gln Thr Ser Asn Thr Asp Pro Ile Asn Asn Gly Ser Phe  
275 280 285

Asp Gly Val Leu Glu Pro Pro Gly Gln Gly Arg Phe Thr Gly Lys Lys  
290 295 300

Asn Asn Ser Ser Ala Ser Ile Pro Pro Leu Gln Asp Val Leu Leu Phe  
305 310 315 320

Thr Pro Ala Ser Thr Glu Pro Gln Ser Leu Met Glu Trp Phe Asp Ile  
325 330 335

Cys Tyr Ala Gln Leu Val Ser Gly Asp Thr Pro Ala Asp Phe Trp Lys  
340 345 350

Arg Arg Pro Leu Ser Ile Val Pro Arg His Tyr Ala Glu Ser Pro Ser  
355 360 365

Pro Leu Ile Val Val Ser Tyr Asn Gly Ser Ser Ala Trp Gly Gly Arg  
370 375 380

Ile Thr Gly Ser Pro Ile Leu Tyr His Ser Ala Gln Ala Ile Ile Asp  
385 390 395 400

Ala Ala Cys Ile Asn Ala Arg Val Asp Asn Pro Gln Ser Leu His Val  
405 410 415

Thr Ala Arg Gln Glu Leu Val Ala Arg Leu Pro Phe Leu Ala Asn Val  
420 425 430

Leu Asn Asn Gln Thr Pro Leu Pro Ala Phe Lys Pro Gly Ala Glu Met  
435 440 445

Phe Leu Asn Gln Val Phe Lys Gln Ala Cys Val Thr Ser Leu Thr Gln  
450 455 460

Gly Leu Ile Thr Glu Leu Gln Thr Asn Pro Thr Leu Gln Gln Leu Met  
465 470 475 480

Glu Tyr Asp Ile Ala Asp Ser Ser Gln Thr Val Ile Asp Glu Ile Val  
485 490 495

Ala Arg Thr Pro Asp Leu Ile Gln Thr Ile Val Ser Val Leu Thr Glu  
500 505 510

Met Ser Met Asp Ala Phe Tyr Asn Ser Ser Leu Met Tyr Ala Val Leu  
515 520 525

Ala Tyr Leu Ser Ser Val Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Gly Gly Tyr Ile  
530 535 540

Pro Tyr Leu His Ala Ser Phe Pro Cys Trp Leu Gly Asn Arg Ser Ile  
545 550 555 560

Tyr Leu Phe Asp Tyr Tyr Asn Ser Gly Gly Glu Ile Leu Lys Leu Ser  
565 570 575

Lys Val Pro Val Pro Val Ala Leu Glu Lys Val Gly Ile Gly Asn Ser  
580 585 590

Thr Gln Leu Arg Gly Lys Phe Ile Arg Ser Ala Asp Ile Val Asp Ile  
595 600 605

Gly Ile Cys Ser Lys Tyr Leu Pro Gly Gln Cys Tyr Ala Tyr Ile Cys  
610 615 620

Leu Gly Phe Asn Gln Gln Leu Gln Ser Ile Leu Val Leu Pro Gly Gly  
625 630 635 640

Phe Ala Ala Cys Phe Cys Ile Thr Asp Thr Leu Gln Ala Ala Leu Pro  
645 650 655

Ala Ser Leu Ile Gly Pro Ile Leu Asp Arg Phe Cys Phe Ser Ile Pro  
660 665 670

Asn Pro His Lys  
675

<210> 31  
<211> 363  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 31

Met Glu Leu Gln Arg Ile Phe Pro Leu Tyr Thr Ala Thr Gly Ala Ala  
1 5 10 15

Arg Lys Leu Thr Pro Glu Ala Val Gln Arg Leu Cys Asp Ala Leu Thr  
20 25 30

Leu Asp Met Gly Leu Trp Lys Ser Ile Leu Thr Asp Pro Arg Val Lys  
35 40 45



Ile Met Arg Ser Thr Ala Phe Ile Thr Leu Arg Ile Ala Pro Phe Ile  
50 55 60

Pro Leu Gln Thr Asp Thr Thr Asn Ile Ala Val Val Val Ala Thr Ile  
65 70 75 80

Tyr Ile Thr Arg Pro Arg Gln Met Asn Leu Pro Pro Lys Thr Phe His  
85 90 95

Val Ile Val Asn Phe Asn Tyr Glu Val Ser Tyr Ala Met Thr Ala Thr  
100 105 110

Leu Arg Ile Tyr Pro Val Glu Asn Ile Asp His Val Phe Gly Ala Thr  
115 120 125

Phe Lys Asn Pro Ile Ala Tyr Pro Leu Pro Thr Ser Ile Pro Asp Pro  
130 135 140

Arg Ala Asp Pro Thr Pro Ala Asp Leu Thr Pro Thr Pro Asn Leu Ser  
145 150 155 160

Asn Tyr Leu Gln Pro Pro Arg Leu Pro Lys Asn Pro Tyr Ala Cys Lys  
165 170 175

Val Ile Ser Pro Gly Val Trp Trp Ser Asp Glu Arg Arg Arg Leu Tyr  
180 185 190

Val Leu Ala Met Glu Pro Asn Leu Ile Gly Leu Cys Pro Ala Gly Trp  
195 200 205

His Ala Arg Ile Leu Gly Ser Val Leu Asn Arg Leu Leu Ser His Ala  
210 215 220

Asp Gly Cys Asp Glu Cys Asn His Arg Val His Val Gly Ala Leu Tyr  
225 230 235 240

Ala Leu Pro His Val Thr Asn His Ala Glu Gly Cys Val Cys Trp Ala

245

250

255

Pro Cys Met Trp Arg Lys Ala Gly Gln Arg Glu Leu Lys Val Glu Val  
260 265 270

Asp Ile Gly Ala Thr Gln Val Leu Phe Val Asp Val Thr Thr Cys Ile  
275 280 285

Arg Ile Thr Ser Thr Lys Asn Pro Arg Ile Thr Ala Asn Leu Gly Asp  
290 295 300

Val Ile Ala Gly Thr Asn Ala Ser Gly Leu Ser Val Pro Val Asn Ser  
305 310 315 320

Ser Gly Trp Gln Leu Tyr Met Phe Gly Glu Thr Leu Ser Arg Ala Ile  
325 330 335

Ile Asn Gly Cys Gly Leu Leu Gln Arg Ile Cys Phe Pro Glu Thr Gln  
340 345 350

Arg Leu Ser Gly Glu Pro Glu Pro Thr Thr Thr  
355 360

<210> 32  
<211> 199  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 32

Met Ser Gly His Thr Pro Thr Tyr Ala Ser His Arg Arg Asn Arg Val  
1 5 10 15

Lys Leu Val Glu Ala His Asn Arg Ala Gly Leu Phe Lys Glu Arg Thr  
20 25 30

Leu Asp Leu Ile Arg Gly Gly Ala Ser Val Gln Asp Pro Ala Phe Val  
35 40 45

Tyr Ala Phe Thr Ala Ala Lys Glu Ala Cys Ala Asp Leu Asn Asn Gln  
 50 55 60

Leu Arg Ser Ala Ala Arg Ile Ala Ser Val Glu Gln Lys Ile Arg Asp  
 65 70 75 80

Ile Gln Ser Lys Val Glu Glu Gln Thr Ser Ile Gln Gln Ile Leu Asn  
 85 90 95

Thr Asn Arg Arg Tyr Ile Ala Pro Asp Phe Ile Arg Gly Leu Asp Lys  
 100 105 110

Thr Glu Asp Asp Asn Thr Asp Asn Ile Asp Arg Leu Glu Asp Ala Val  
 115 120 125

Gly Pro Asn Ile Glu His Glu Asn His Thr Trp Phe Gly Glu Asp Asp  
 130 135 140

Glu Ala Leu Leu Thr Gln Trp Met Leu Thr Thr His Pro Pro Thr Ser  
 145 150 155 160

Lys Tyr Leu Gln Leu Gln Asp Leu Cys Val Pro Thr Thr Ile Pro Thr  
 165 170 175

Asp Met Asn Gln Met Gln Pro Gln Pro Ile Ser Lys Asn Glu Asn Pro  
 180 185 190

Pro Thr Pro His Thr Asp Val  
 195

<210> 33  
 <211> 551  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 33

Met Ala Arg Ser Gly Leu Asp Arg Ile Asp Ile Ser Pro Gln Pro Ala  
 1 5 10 15

Lys Lys Ile Ala Arg Val Gly Gly Leu Gln His Pro Phe Val Lys Thr  
20 25 30

Asp Ile Asn Thr Ile Asn Val Glu His His Phe Ile Asp Thr Leu Gln  
35 40 45

Lys Thr Ser Pro Asn Met Asp Cys Arg Gly Met Thr Ala Gly Ile Phe  
50 55 60

Ile Arg Leu Ser His Met Tyr Lys Ile Leu Thr Thr Leu Glu Ser Pro  
65 70 75 80

Asn Asp Val Thr Tyr Thr Thr Pro Gly Ser Thr Asn Ala Leu Phe Phe  
85 90 95

Lys Thr Ser Thr Gln Pro Gln Glu Pro Arg Pro Glu Glu Leu Ala Ser  
100 105 110

Lys Leu Thr Gln Asp Asp Ile Lys Arg Ile Leu Leu Thr Ile Glu Ser  
115 120 125

Glu Thr Arg Gly Gln Gly Asp Asn Ala Ile Trp Thr Leu Leu Arg Arg  
130 135 140

Asn Leu Ile Thr Ala Ser Thr Leu Lys Trp Ser Val Ser Gly Pro Val  
145 150 155 160

Ile Pro Pro Gln Trp Phe Tyr His His Asn Thr Thr Asp Thr Tyr Gly  
165 170 175

Asp Ala Ala Ala Met Ala Phe Gly Lys Thr Asn Glu Pro Ala Ala Arg  
180 185 190

Ala Ile Val Glu Ala Leu Phe Ile Asp Pro Ala Asp Ile Arg Thr Pro  
195 200 205

Asp His Leu Thr Pro Glu Ala Thr Thr Lys Phe Phe Asn Phe Asp Met

210

215

220

Leu Asn Thr Lys Ser Pro Ser Leu Leu Val Gly Thr Pro Arg Ile Gly  
225 230 235 240

Thr Tyr Glu Cys Gly Leu Leu Ile Asp Val Arg Thr Gly Leu Ile Gly  
245 250 255

Ala Ser Leu Asp Val Leu Val Cys Asp Arg Asp Pro Leu Thr Gly Thr  
260 265 270

Leu Asn Pro His Pro Ala Glu Thr Asp Ile Ser Phe Phe Glu Ile Lys  
275 280 285

Cys Arg Ala Lys Tyr Leu Phe Asp Pro Asp Asp Lys Asn Asn Pro Leu  
290 295 300

Gly Arg Thr Tyr Thr Thr Leu Ile Asn Arg Pro Thr Met Ala Asn Leu  
305 310 315 320

Arg Asp Phe Leu Tyr Thr Ile Lys Asn Pro Cys Val Ser Phe Phe Gly  
325 330 335

Pro Ser Ala Asn Pro Ser Thr Arg Glu Ala Leu Ile Thr Asp His Val  
340 345 350

Glu Trp Lys Arg Leu Gly Phe Lys Gly Gly Arg Ala Leu Thr Glu Leu  
355 360 365

Asp Ala His His Leu Gly Leu Asn Arg Thr Ile Ser Ser Arg Val Trp  
370 375 380

Val Phe Asn Asp Pro Asp Ile Gln Lys Gly Thr Ile Thr Thr Ile Ala  
385 390 395 400

Trp Ala Thr Gly Asp Thr Ala Leu Gln Ile Pro Val Phe Ala Asn Pro  
405 410 415



Arg His Ala Asn Phe Lys Gln Ile Ala Val Gln Thr Tyr Val Leu Ser  
 420 425 430

Gly Tyr Phe Pro Ala Leu Lys Leu Arg Pro Phe Leu Val Thr Phe Ile  
 435 440 445

Gly Arg Val Arg Arg Pro His Glu Val Gly Val Pro Leu Arg Val Asp  
 450 455 460

Thr Gln Ala Ala Ala Ile Tyr Glu Tyr Asn Trp Pro Thr Ile Pro Pro  
 465 470 475 480

His Cys Ala Val Pro Val Ile Ala Val Leu Thr Pro Ile Glu Val Asp  
 485 490 495

Val Pro Arg Val Thr Gln Ile Leu Lys Asp Thr Gly Asn Asn Ala Ile  
 500 505 510

Thr Ser Ala Leu Arg Ser Leu Arg Trp Asp Asn Leu His Pro Ala Val  
 515 520 525

Glu Glu Glu Ser Val Asp Cys Ala Asn Gly Thr Thr Ser Leu Leu Arg  
 530 535 540

Ala Thr Glu Lys Pro Leu Leu  
 545 550

<210> 34  
 <211> 835  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 34

Met Ser Pro Asn Thr Gly Glu Ser Asn Ala Ala Val Tyr Ala Ser Ser  
 1 5 10 15

Thr Gln Leu Ala Arg Ala Leu Tyr Gly Gly Asp Leu Val Ser Trp Ile  
 20 25 30

Lys His Thr His Pro Gly Ile Ser Leu Glu Leu Gln Leu Asp Val Pro  
35 40 45

Val Lys Leu Ile Lys Pro Gly Met Ser Gln Thr Arg Pro Val Thr Val  
50 55 60

Val Arg Ala Pro Met Gly Ser Gly Lys Thr Thr Ala Leu Leu Glu Trp  
65 70 75 80

Leu Gln His Ala Leu Lys Ala Asp Ile Ser Val Leu Val Val Ser Cys  
85 90 95

Arg Arg Ser Phe Thr Gln Thr Leu Ile Gln Arg Phe Asn Asp Ala Gly  
100 105 110

Leu Ser Gly Phe Val Thr Tyr Leu Thr Ser Glu Thr Tyr Ile Met Gly  
115 120 125

Phe Lys Arg Leu Ile Val Gln Leu Glu Ser Leu His Arg Val Ser Ser  
130 135 140

Glu Ala Ile Asp Ser Tyr Asp Val Leu Ile Leu Asp Glu Val Met Ser  
145 150 155 160

Val Ile Gly Gln Leu Tyr Ser Pro Thr Met Arg Arg Leu Ser Ala Val  
165 170 175

Asp Ser Leu Leu Tyr Arg Leu Leu Asn Arg Cys Ser Gln Ile Ile Ala  
180 185 190

Met Asp Ala Thr Val Asn Ser Gln Phe Ile Asp Leu Ile Ser Gly Leu  
195 200 205

Arg Gly Asp Glu Asn Ile His Thr Ile Val Cys Thr Tyr Ala Gly Val  
210 215 220

Gly Phe Ser Gly Arg Thr Cys Thr Ile Leu Arg Asp Met Gly Ile Asp  
225 230 235 240

Thr Leu Val Arg Val Ile Lys Arg Ser Pro Glu His Glu Asp Val Arg  
245 250 255

Thr Ile His Gln Leu Arg Gly Thr Phe Phe Asp Glu Leu Ala Leu Arg  
260 265 270

Leu Gln Cys Gly His Asn Ile Cys Ile Phe Ser Ser Thr Leu Ser Phe  
275 280 285

Ser Glu Leu Val Ala Gln Phe Cys Ala Ile Phe Thr Asp Ser Ile Leu  
290 295 300

Ile Leu Asn Ser Thr Arg Pro Leu Cys Asn Val Asn Glu Trp Lys His  
305 310 315 320

Phe Arg Val Leu Val Tyr Thr Thr Val Val Thr Val Gly Leu Ser Phe  
325 330 335

Asp Met Ala His Phe His Ser Met Phe Ala Tyr Ile Lys Pro Met Ser  
340 345 350

Tyr Gly Pro Asp Met Val Ser Val Tyr Gln Ser Leu Gly Arg Val Arg  
355 360 365

Leu Leu Leu Leu Asn Glu Val Leu Met Tyr Val Asp Gly Ser Arg Thr  
370 375 380

Arg Cys Gly Pro Leu Phe Ser Pro Met Leu Leu Asn Phe Thr Ile Ala  
385 390 395 400

Asn Lys Phe Gln Trp Phe Pro Thr His Thr Gln Ile Thr Asn Lys Leu  
405 410 415

Cys Cys Ala Phe Arg Gln Arg Cys Ala Asn Ala Phe Thr Arg Ser Asn  
420 425 430

Thr His Leu Phe Ser Arg Phe Lys Tyr Lys His Leu Phe Glu Arg Cys  
435 440 445

Ser Leu Trp Ser Leu Ala Asp Ser Ile Asn Ile Leu Gln Thr Leu Leu  
450 455 460

Ala Ser Asn Gln Ile Leu Val Val Leu Asp Gly Met Gly Pro Ile Thr  
465 470 475 480

Asp Val Ser Pro Val Gln Phe Cys Ala Phe Ile His Asp Leu Arg His  
485 490 495

Ser Ala Asn Ala Val Ala Ser Cys Met Arg Ser Leu Arg Gln Asp Asn  
500 505 510

Asp Ser Cys Leu Thr Asp Phe Gly Pro Ser Gly Phe Met Ala Asp Asn  
515 520 525

Ile Thr Ala Phe Met Glu Lys Tyr Leu Met Glu Ser Ile Asn Thr Glu  
530 535 540

Glu Gln Ile Lys Val Phe Lys Ala Leu Ala Cys Pro Ile Glu Gln Pro  
545 550 555 560

Arg Leu Val Asn Thr Ala Ile Leu Gly Ala Cys Ile Arg Ile Pro Glu  
565 570 575

Ala Leu Glu Ala Phe Asp Val Phe Gln Lys Ile Tyr Thr His Tyr Ala  
580 585 590

Ser Gly Trp Phe Pro Val Leu Asp Lys Thr Gly Glu Phe Ser Ile Ala  
595 600 605

Thr Ile Thr Thr Ala Pro Asn Leu Thr Thr His Trp Glu Leu Phe Arg  
610 615 620

Arg Cys Ala Tyr Ile Ala Lys Thr Leu Lys Trp Asn Pro Ser Thr Glu  
625 630 635 640

Gly Cys Val Thr Gln Val Leu Asp Thr Asp Ile Asn Thr Leu Phe Asn  
645 650 655

Gln His Gly Asp Ser Leu Ala Gln Leu Ile Phe Glu Val Met Arg Cys  
660 665 670

Asn Val Thr Asp Ala Lys Ile Ile Leu Asn Arg Pro Val Trp Arg Thr  
675 680 685

Thr Gly Phe Leu Asp Gly Cys His Asn Gln Cys Phe Arg Pro Ile Pro  
690 695 700

Thr Lys His Glu Tyr Asn Ile Ala Leu Phe Arg Leu Ile Trp Glu Gln  
705 710 715 720

Leu Phe Gly Ala Arg Val Thr Lys Ser Thr Gln Thr Phe Pro Gly Ser  
725 730 735

Thr Arg Val Lys Asn Leu Lys Lys Lys Asp Leu Glu Thr Leu Leu Asp  
740 745 750

Ser Ile Asn Val Asp Arg Ser Ala Cys Arg Thr Tyr Arg Gln Leu Tyr  
755 760 765

Asn Leu Leu Met Ser Gln Arg His Ser Phe Ser Gln Gln Arg Tyr Lys  
770 775 780

Ile Thr Ala Pro Ala Trp Ala Arg His Val Tyr Phe Gln Ala His Gln  
785 790 795 800

Met His Leu Ala Pro His Ala Glu Ala Met Leu Gln Leu Ala Leu Ser  
805 810 815

Glu Leu Ser Pro Gly Ser Trp Pro Arg Ile Asn Gly Ala Val Asn Phe  
820 825 830



Glu Ser Leu  
835

<210> 35  
<211> 771  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 35

Met Asp Ala Thr Gln Ile Thr Leu Val Arg Glu Ser Gly His Ile Cys  
1 5 10 15

Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Ser Trp Thr Gln Ser Gly Gln Leu Thr Gln  
20 25 30

Asn Gly Leu Ser Val Leu Tyr Tyr Leu Leu Cys Lys Asn Ser Cys Gly  
35 40 45

Lys Tyr Val Pro Lys Phe Ala Glu Ile Thr Val Gln Gln Glu Asp Leu  
50 55 60

Cys Arg Tyr Ser Arg His Gly Gly Ser Val Ser Ala Ala Thr Phe Ala  
65 70 75 80

Ser Ile Cys Arg Ala Ala Ser Ser Ala Ala Leu Asp Ala Trp Pro Leu  
85 90 95

Glu Pro Leu Gly Asn Ala Asp Thr Trp Arg Cys Leu His Gly Thr Ala  
100 105 110

Leu Ala Thr Leu Arg Arg Val Leu Gly Phe Lys Ser Phe Tyr Ser Pro  
115 120 125

Val Thr Phe Glu Thr Asp Thr Asn Thr Gly Leu Leu Leu Lys Thr Ile  
130 135 140

Pro Asp Glu His Ala Leu Asn Asn Asp Asn Thr Pro Ser Thr Gly Val

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

Trp Pro Val Thr Gly Ile Gln Ala Phe His Tyr Leu Ala Pro Trp Gly  
355 360 365

Gln His Pro Pro Leu Pro Pro Arg Val Gln Asp Leu Ile Gly Gln Ile  
370 375 380

Pro Gln Asp Thr Gly His Ala Asp Ala Thr Val Asn Trp Asp Ala Gly  
385 390 395 400

Arg Ile Ser Thr Val Phe Lys Gln Pro Val Gln Leu Gln Asp Arg Trp  
405 410 415

Met Ala Lys Phe Asp Phe Ser Ala Phe Phe Pro Thr Ile Tyr Cys Ala  
420 425 430

Met Phe Pro Met His Phe Arg Leu Gly Lys Ile Val Leu Ala Arg Met  
435 440 445

Arg Arg Gly Met Gly Cys Leu Lys Pro Ala Leu Val Ser Phe Phe Gly  
450 455 460

Gly Leu Arg His Ile Leu Pro Ser Ile Tyr Lys Ala Ile Ile Phe Ile  
465 470 475 480

Ala Asn Glu Ile Ser Leu Cys Val Glu Gln Thr Ala Leu Glu Gln Gly  
485 490 495

Phe Ala Ile Cys Thr Tyr Ile Lys Asp Gly Phe Trp Gly Ile Phe Thr  
500 505 510

Asp Leu His Thr Arg Asn Val Cys Ser Asp Gln Ala Arg Cys Ser Ala  
515 520 525

Leu Asn Leu Ala Ala Thr Cys Glu Arg Ala Val Thr Gly Leu Leu Arg  
530 535 540

Ile Gln Leu Gly Leu Asn Phe Thr Pro Ala Met Glu Pro Val Leu Arg

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

Ser Pro Ser Leu Lys Phe Thr Asp Asp Pro Leu Ala Ser Tyr Asn Phe  
755 760 765

Leu Phe Leu  
770

<210> 36  
<211> 881  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster  
  
<400> 36

Met Lys Arg Ser Ile Ser Val Asp Ser Ser Ser Pro Lys Asn Val Phe  
1 5 10 15

Asn Pro Glu Thr Pro Asn Gly Phe Asp Asp Ser Val Tyr Leu Asn Phe  
20 25 30

Thr Ser Met His Ser Ile Gln Pro Ile Leu Ser Arg Ile Arg Glu Leu  
35 40 45

Ala Ala Ile Thr Ile Pro Lys Glu Arg Val Pro Arg Leu Cys Trp Phe  
50 55 60

Lys Gln Leu Leu Glu Leu Gln Ala Pro Pro Glu Met Gln Arg Asn Glu  
65 70 75 80

Leu Pro Phe Ser Val Tyr Leu Ile Ser Gly Asn Ala Gly Ser Gly Lys  
85 90 95

Ser Thr Cys Ile Gln Thr Leu Asn Glu Ala Ile Asp Cys Ile Ile Thr  
100 105 110

Gly Ser Thr Arg Val Ala Ala Gln Asn Val His Ala Lys Leu Ser Thr  
115 120 125

Ala Tyr Ala Ser Arg Pro Ile Asn Thr Ile Phe His Glu Phe Gly Phe  
130 135 140



Arg Gly Asn His Ile Gln Ala Gln Leu Gly Arg Tyr Ala Tyr Asn Trp  
145 150 155 160

Thr Thr Thr Pro Pro Ser Ile Glu Asp Leu Gln Lys Arg Asp Ile Val  
165 170 175

Tyr Tyr Trp Glu Val Leu Ile Asp Ile Thr Lys Arg Val Phe Gln Met  
180 185 190

Gly Asp Asp Gly Arg Gly Gly Thr Ser Thr Phe Lys Thr Leu Trp Ala  
195 200 205

Ile Glu Arg Leu Leu Asn Lys Pro Thr Gly Ser Met Ser Gly Thr Ala  
210 215 220

Phe Ile Ala Cys Gly Ser Leu Pro Ala Phe Thr Arg Ser Asn Val Ile  
225 230 235 240

Val Ile Asp Glu Ala Gly Leu Leu Gly Arg His Ile Leu Thr Ala Val  
245 250 255

Val Tyr Cys Trp Trp Leu Leu Asn Ala Ile Tyr Gln Ser Pro Gln Tyr  
260 265 270

Ile Asn Gly Arg Lys Pro Val Ile Val Cys Val Gly Ser Pro Thr Gln  
275 280 285

Thr Asp Ser Leu Glu Ser His Phe Gln His Asp Met Gln Arg Ser His  
290 295 300

Val Thr Pro Ser Glu Asn Ile Leu Thr Tyr Ile Ile Cys Asn Gln Thr  
305 310 315 320

Leu Arg Gln Tyr Thr Asn Ile Ser His Asn Trp Ala Ile Phe Ile Asn  
325 330 335

Asn Lys Arg Cys Gln Glu Asp Asp Phe Gly Asn Leu Leu Lys Thr Leu  
340 345 350

Glu Tyr Gly Leu Pro Ile Thr Glu Ala His Ala Arg Leu Val Asp Thr  
355 360 365

Phe Val Val Pro Ala Ser Tyr Ile Asn Asn Pro Ala Asn Leu Pro Gly  
370 375 380

Trp Thr Arg Leu Tyr Ser Ser His Lys Glu Val Ser Ala Tyr Met Ser  
385 390 395 400

Lys Leu His Ala His Leu Lys Leu Ser Lys Asn Asp His Phe Ser Val  
405 410 415

Phe Ala Leu Pro Thr Tyr Thr Phe Ile Arg Leu Thr Ala Phe Asp Glu  
420 425 430

Tyr Arg Lys Leu Thr Gly Gln Pro Gly Leu Ser Val Glu His Trp Ile  
435 440 445

Arg Ala Asn Ser Gly Arg Leu His Asn Tyr Ser Gln Ser Arg Asp His  
450 455 460

Asp Met Gly Thr Val Lys Tyr Glu Thr His Ser Asn Arg Asp Leu Ile  
465 470 475 480

Val Ala Arg Thr Asp Ile Thr Tyr Val Leu Asn Ser Leu Val Val Val  
485 490 495

Thr Thr Arg Leu Arg Lys Leu Val Ile Gly Phe Ser Gly Thr Phe Gln  
500 505 510

Ser Phe Ala Lys Val Leu Arg Asp Asp Ser Phe Val Lys Ala Arg Gly  
515 520 525

Glu Thr Ser Ile Glu Tyr Ala Tyr Arg Phe Leu Ser Asn Leu Ile Phe  
530 535 540

Gly Gly Leu Ile Asn Phe Tyr Asn Phe Leu Leu Asn Lys Asn Leu His  
545 550 555 560

Pro Asp Lys Val Ser Leu Ala Tyr Lys Arg Leu Ala Ala Leu Thr Leu  
565 570 575

Glu Leu Leu Ser Gly Thr Asn Lys Ala Pro Leu His Glu Ala Ala Val  
580 585 590

Asn Gly Ala Gly Ala Gly Ile Asp Cys Asp Gly Ala Ala Thr Ser Ala  
595 600 605

Asp Lys Ala Phe Cys Phe Thr Lys Ala Pro Glu Ser Lys Val Thr Ala  
610 615 620

Ser Ile Pro Glu Asp Pro Asp Asp Val Ile Phe Thr Ala Leu Asn Asp  
625 630 635 640

Glu Val Ile Asp Leu Val Tyr Cys Gln Tyr Glu Phe Ser Tyr Pro Lys  
645 650 655

Ser Ser Asn Glu Val His Ala Gln Phe Leu Leu Met Lys Ala Ile Tyr  
660 665 670

Asp Gly Arg Tyr Ala Ile Leu Ala Glu Leu Phe Glu Ser Ser Phe Thr  
675 680 685

Thr Ala Pro Phe Ser Ala Tyr Val Asp Asn Val Asn Phe Asn Gly Ser  
690 695 700

Glu Leu Leu Ile Gly Asn Val Arg Gly Gly Leu Leu Ser Leu Ala Leu  
705 710 715 720

Gln Thr Asp Thr Tyr Thr Leu Leu Gly Tyr Thr Phe Ala Pro Val Pro  
725 730 735

Val Phe Val Glu Glu Leu Thr Arg Lys Lys Leu Tyr Arg Glu Thr Thr  
740 745 750

Glu Met Leu Tyr Ala Leu His Val Pro Leu Met Val Leu Gln Asp Gln  
755 760 765

His Gly Phe Val Ser Ile Val Asn Ala Asn Val Cys Glu Phe Thr Glu  
770 775 780

Ser Ile Glu Asp Ala Glu Leu Ala Met Ala Thr Thr Val Asp Tyr Gly  
785 790 795 800

Leu Ser Ser Lys Leu Ala Met Thr Ile Ala Arg Ser Gln Gly Leu Ser  
805 810 815

Leu Glu Lys Val Ala Ile Cys Phe Thr Ala Asp Lys Leu Arg Leu Asn  
820 825 830

Ser Val Tyr Val Ala Met Ser Arg Thr Val Ser Ser Arg Phe Leu Lys  
835 840 845

Met Asn Leu Asn Pro Leu Arg Glu Arg Tyr Glu Lys Ser Ala Glu Ile  
850 855 860

Ser Asp His Ile Leu Ala Ala Leu Arg Asp Pro Asn Val His Val Val  
865 870 875 880

Tyr

<210> 37  
<211> 278  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 37

Met Phe Cys Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser Lys  
1 5 10 15

Pro Gly Ala Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly Ser Ala  
20 25 30

Pro Gly Pro Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro Gly Ala Phe  
35 40 45

Cys Thr Pro Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu Val Glu Asp Ile  
50 55 60

Asn Arg Val Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser Gly Arg Val Thr Arg  
65 70 75 80

Asp Ser Arg Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu Asp Phe Tyr Leu Met Gly  
85 90 95

Arg Thr Arg Gln Arg Pro Thr Leu Ala Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln  
100 105 110

Leu Gln Pro Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val  
115 120 125

Ser His Arg Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn  
130 135 140

Val Pro Leu His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly  
145 150 155 160

Gly Glu Asp Asp Ser Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile  
165 170 175

Glu Phe Arg Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile  
180 185 190

Val Glu Glu Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly  
195 200 205

Val Pro Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser



210

215

220

Pro Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr  
 225 230 235 240

Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly  
 245 250 255

Val Asp Trp Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile  
 260 265 270

Pro Pro Pro His Gly Val  
 275

<210> 38  
 <211> 180  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 38

Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala  
 1 5 10 15

Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met  
 20 25 30

Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr  
 35 40 45

Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala  
 50 55 60

Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu  
 65 70 75 80

Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg  
 85 90 95

Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser  
100 105 110

His Leu Glu Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys  
115 120 125

Leu Gly His Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys  
130 135 140

Cys Ile Arg Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg  
145 150 155 160

Leu Phe Asp Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr  
165 170 175

Tyr Glu Arg Ser  
180

<210> 39  
<211> 393  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 39

Met Asn Asp Val Asp Ala Thr Asp Thr Phe Val Gly Gln Gly Lys Phe  
1 5 10 15

Arg Gly Ala Ile Ser Thr Ser Pro Ser His Ile Met Gln Thr Cys Gly  
20 25 30

Phe Ile Gln Gln Met Phe Pro Val Glu Met Ser Pro Gly Ile Glu Ser  
35 40 45

Glu Asp Asp Pro Asn Tyr Asp Val Asn Met Asp Ile Gln Ser Phe Asn  
50 55 60

Ile Phe Asp Gly Val His Glu Thr Glu Ala Glu Ala Ser Val Ala Leu  
65 70 75 80

Cys Ala Glu Ala Arg Val Gly Ile Asn Lys Ala Gly Phe Val Ile Leu  
85 90 95

Lys Thr Phe Thr Pro Gly Ala Glu Gly Phe Ala Phe Ala Cys Met Asp  
100 105 110

Ser Lys Thr Cys Glu His Val Val Ile Lys Ala Gly Gln Arg Gln Gly  
115 120 125

Thr Ala Thr Glu Ala Thr Val Leu Arg Ala Leu Thr His Pro Ser Val  
130 135 140

Val Gln Leu Lys Gly Thr Phe Thr Tyr Asn Lys Met Thr Cys Leu Ile  
145 150 155 160

Leu Pro Arg Tyr Arg Thr Asp Leu Tyr Cys Tyr Leu Ala Ala Lys Arg  
165 170 175

Asn Leu Pro Ile Cys Asp Ile Leu Ala Ile Gln Arg Ser Val Leu Arg  
180 185 190

Ala Leu Gln Tyr Leu His Asn Asn Ser Ile Ile His Arg Asp Ile Lys  
195 200 205

Ser Glu Asn Ile Phe Ile Asn His Pro Gly Asp Val Cys Val Gly Asp  
210 215 220

Phe Gly Ala Ala Cys Phe Pro Val Asp Ile Asn Ala Asn Arg Tyr Tyr  
225 230 235 240

Gly Trp Ala Gly Thr Ile Ala Thr Asn Ser Pro Glu Leu Leu Ala Arg  
245 250 255

Asp Pro Tyr Gly Pro Ala Val Asp Ile Trp Ser Ala Gly Ile Val Leu  
260 265 270

Phe Glu Met Ala Thr Gly Gln Asn Ser Leu Phe Glu Arg Asp Gly Leu

275

280

285

Asp Gly Asn Cys Asp Ser Glu Arg Gln Ile Lys Leu Ile Ile Arg Arg  
 290 295 300

Ser Gly Thr His Pro Asn Glu Phe Pro Ile Asn Pro Thr Ser Asn Leu  
 305 310 315 320

Arg Arg Gln Tyr Ile Gly Leu Ala Lys Arg Ser Ser Arg Lys Pro Gly  
 325 330 335

Ser Arg Pro Leu Trp Thr Asn Leu Tyr Glu Leu Pro Ile Asp Leu Glu  
 340 345 350

Tyr Leu Ile Cys Lys Met Leu Ser Phe Asp Ala Arg His Arg Pro Ser  
 355 360 365

Ala Glu Val Leu Leu Asn His Ser Val Phe Gln Thr Leu Pro Asp Pro  
 370 375 380

Tyr Pro Asn Pro Met Glu Val Gly Asp  
 385 390

<210> 40  
 <211> 354  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 40

Met Phe Leu Ile Gln Cys Leu Ile Ser Ala Val Ile Phe Tyr Ile Gln  
 1 5 10 15

Val Thr Asn Ala Leu Ile Phe Lys Gly Asp His Val Ser Leu Gln Val  
 20 25 30

Asn Ser Ser Leu Thr Ser Ile Leu Ile Pro Met Gln Asn Asp Asn Tyr  
 35 40 45

Thr Glu Ile Lys Gly Gln Leu Val Phe Ile Gly Glu Gln Leu Pro Thr  
50 55 60

Gly Thr Asn Tyr Ser Gly Thr Leu Glu Leu Leu Tyr Ala Asp Thr Val  
65 70 75 80

Ala Phe Cys Phe Arg Ser Val Gln Val Ile Arg Tyr Asp Gly Cys Pro  
85 90 95

Arg Ile Arg Thr Ser Ala Phe Ile Ser Cys Arg Tyr Lys His Ser Trp  
100 105 110

His Tyr Gly Asn Ser Thr Asp Arg Ile Ser Thr Glu Pro Asp Ala Gly  
115 120 125

Val Met Leu Lys Ile Thr Lys Pro Gly Ile Asn Asp Ala Gly Val Tyr  
130 135 140

Val Leu Leu Val Arg Leu Asp His Ser Arg Ser Thr Asp Gly Phe Ile  
145 150 155 160

Leu Gly Val Asn Val Tyr Thr Ala Gly Ser His His Asn Ile His Gly  
165 170 175

Val Ile Tyr Thr Ser Pro Ser Leu Gln Asn Gly Tyr Ser Thr Arg Ala  
180 185 190

Leu Phe Gln Gln Ala Arg Leu Cys Asp Leu Pro Ala Thr Pro Lys Gly  
195 200 205

Ser Gly Thr Ser Leu Phe Gln His Met Leu Asp Leu Arg Ala Gly Lys  
210 215 220

Ser Leu Glu Asp Asn Pro Trp Leu His Glu Asp Val Val Thr Thr Glu  
225 230 235 240

Thr Lys Ser Val Val Lys Glu Gly Ile Glu Asn His Val Tyr Pro Thr  
245 250 255



Asp Met Ser Thr Leu Pro Glu Lys Ser Leu Asn Asp Pro Pro Glu Asn  
                   260                                  265                                  270

Leu Leu Ile Ile Ile Pro Ile Val Ala Ser Val Met Ile Leu Thr Ala  
                   275                                  280                                  285

Met Val Ile Val Ile Val Ile Ser Val Lys Arg Arg Arg Ile Lys Lys  
                   290                                  295                                  300

His Pro Ile Tyr Arg Pro Asn Thr Lys Thr Arg Arg Gly Ile Gln Asn  
   305                                  310                                  315                                  320

Ala Thr Pro Glu Ser Asp Val Met Leu Glu Ala Ala Ile Ala Gln Leu  
                                   325                                  330                                  335

Ala Thr Ile Arg Glu Glu Ser Pro Pro His Ser Val Val Asn Pro Phe  
                   340                                  345                                  350

Val Lys

<210> 41  
 <211> 623  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 41

Met Gly Thr Val Asn Lys Pro Val Val Gly Val Leu Met Gly Phe Gly  
   1                  5                                  10                                  15

Ile Ile Thr Gly Thr Leu Arg Ile Thr Asn Pro Val Arg Ala Ser Val  
                   20                                  25                                  30

Leu Arg Tyr Asp Asp Phe His Thr Asp Glu Asp Lys Leu Asp Thr Asn  
                   35                                  40                                  45

Ser Val Tyr Glu Pro Tyr Tyr His Ser Asp His Ala Glu Ser Ser Trp

50

55

60

Val Asn Arg Gly Glu Ser Ser Arg Lys Ala Tyr Asp His Asn Ser Pro  
65 70 75 80

Tyr Ile Trp Pro Arg Asn Asp Tyr Asp Gly Phe Leu Glu Asn Ala His  
85 90 95

Glu His His Gly Val Tyr Asn Gln Gly Arg Gly Ile Asp Ser Gly Glu  
100 105 110

Arg Leu Met Gln Pro Thr Gln Met Ser Ala Gln Glu Asp Leu Gly Asp  
115 120 125

Asp Thr Gly Ile His Val Ile Pro Thr Leu Asn Gly Asp Asp Arg His  
130 135 140

Lys Ile Val Asn Val Asp Gln Arg Gln Tyr Gly Asp Val Phe Lys Gly  
145 150 155 160

Asp Leu Asn Pro Lys Pro Gln Gly Gln Arg Leu Ile Glu Val Ser Val  
165 170 175

Glu Glu Asn His Pro Phe Thr Leu Arg Ala Pro Ile Gln Arg Ile Tyr  
180 185 190

Gly Val Arg Tyr Thr Glu Thr Trp Ser Phe Leu Pro Ser Leu Thr Cys  
195 200 205

Thr Gly Asp Ala Ala Pro Ala Ile Gln His Ile Cys Leu Lys His Thr  
210 215 220

Thr Cys Phe Gln Asp Val Val Val Asp Val Asp Cys Ala Glu Asn Thr  
225 230 235 240

Lys Glu Asp Gln Leu Ala Glu Ile Ser Tyr Arg Phe Gln Gly Lys Lys  
245 250 255

Glu Ala Asp Gln Pro Trp Ile Val Val Asn Thr Ser Thr Leu Phe Asp  
260 265 270

Glu Leu Glu Leu Asp Pro Pro Glu Ile Glu Pro Gly Val Leu Lys Val  
275 280 285

Leu Arg Thr Glu Lys Gln Tyr Leu Gly Val Tyr Ile Trp Asn Met Arg  
290 295 300

Gly Ser Asp Gly Thr Ser Thr Tyr Ala Thr Phe Leu Val Thr Trp Lys  
305 310 315 320

Gly Asp Glu Lys Thr Arg Asn Pro Thr Pro Ala Val Thr Pro Gln Pro  
325 330 335

Arg Gly Ala Glu Phe His Met Trp Asn Tyr His Ser His Val Phe Ser  
340 345 350

Val Gly Asp Thr Phe Ser Leu Ala Met His Leu Gln Tyr Lys Ile His  
355 360 365

Glu Ala Pro Phe Asp Leu Leu Leu Glu Trp Leu Tyr Val Pro Ile Asp  
370 375 380

Pro Thr Cys Gln Pro Met Arg Leu Tyr Ser Thr Cys Leu Tyr His Pro  
385 390 395 400

Asn Ala Pro Gln Cys Leu Ser His Met Asn Ser Gly Cys Thr Phe Thr  
405 410 415

Ser Pro His Leu Ala Gln Arg Val Ala Ser Thr Val Tyr Gln Asn Cys  
420 425 430

Glu His Ala Asp Asn Tyr Thr Ala Tyr Cys Leu Gly Ile Ser His Met  
435 440 445

Glu Pro Ser Phe Gly Leu Ile Leu His Asp Gly Gly Thr Thr Leu Lys

450

455

460

Phe Val Asp Thr Pro Glu Ser Leu Ser Gly Leu Tyr Val Phe Val Val  
 465 470 475 480

Tyr Phe Asn Gly His Val Glu Ala Val Ala Tyr Thr Val Val Ser Thr  
 485 490 495

Val Asp His Phe Val Asn Ala Ile Glu Glu Arg Gly Phe Pro Pro Thr  
 500 505 510

Ala Gly Gln Pro Pro Ala Thr Thr Lys Pro Lys Glu Ile Thr Pro Val  
 515 520 525

Asn Pro Gly Thr Ser Pro Leu Leu Arg Tyr Ala Ala Trp Thr Gly Gly  
 530 535 540

Leu Ala Ala Val Val Leu Leu Cys Leu Val Ile Phe Leu Ile Cys Thr  
 545 550 555 560

Ala Lys Arg Met Arg Val Lys Ala Tyr Arg Val Asp Lys Ser Pro Tyr  
 565 570 575

Asn Gln Ser Met Tyr Tyr Ala Gly Leu Pro Val Asp Asp Phe Glu Asp  
 580 585 590

Ser Glu Ser Thr Asp Thr Glu Glu Glu Phe Gly Asn Ala Ile Gly Gly  
 595 600 605

Ser His Gly Gly Ser Ser Tyr Thr Val Tyr Ile Asp Lys Thr Arg  
 610 615 620

&lt;210&gt; 42

&lt;211&gt; 1310

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 42

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser  
1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala  
20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val  
50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp  
65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln  
85 90 95

Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr  
100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser  
115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro  
130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro  
145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala  
165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr  
180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln  
195 200 205



Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His  
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro  
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro  
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln  
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala  
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala  
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro  
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile  
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val  
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser  
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr  
405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu  
420 425 430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg  
435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro  
450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val  
465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu  
485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Val  
500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala  
515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu  
530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr  
545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser  
565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu  
580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg  
595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg  
610 615 620

Ala Phe Ala Ser Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala  
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln  
645 650 655

Ala Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys  
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro  
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala  
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg  
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro  
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe  
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln  
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp  
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro  
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg  
805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala  
820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile  
835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr  
850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu  
865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr  
885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu  
900 905 910

Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala  
915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg  
930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Arg Asp Gly  
945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro  
965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly  
980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser  
995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu  
1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val  
1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg  
1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp  
1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe  
1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly  
1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg  
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala  
1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala  
1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu  
1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro  
1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu  
1175 1180 1185



Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly  
 1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr  
 1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val  
 1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp  
 1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val  
 1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala  
 1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
 1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
 1295 1300 1305

Arg Gly  
 1310

<210> 43  
 <211> 1002  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1002)

<400> 43  
 atg cat tta aag cct acc aga ttt ttc cac gca aac caa ccg cca atg 48  
 Met His Leu Lys Pro Thr Arg Phe Phe His Ala Asn Gln Pro Pro Met  
 1 5 10 15

ccg cat tca tac gag atg gag gac tta tgc ttc gac gac atg caa tat	96
Pro His Ser Tyr Glu Met Glu Asp Leu Cys Phe Asp Asp Met Gln Tyr	
20 25 30	
cgc tgg tct ccc tcg aac aca ccc tat cga agt atg tct agg cga tat	144
Arg Trp Ser Pro Ser Asn Thr Pro Tyr Arg Ser Met Ser Arg Arg Tyr	
35 40 45	
aaa tcc gta tct cgg agc ggg cct tcg atg cgt gta cgc tcc aga acg	192
Lys Ser Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Met Arg Val Arg Ser Arg Thr	
50 55 60	
cca tgc cgc cgt caa acc att cga gga aaa ctt atg tca aag gag cgg	240
Pro Cys Arg Arg Gln Thr Ile Arg Gly Lys Leu Met Ser Lys Glu Arg	
65 70 75 80	
tct gtg tac cgc cat tat ttt aat tac atc gca agg tcc ccc cca gaa	288
Ser Val Tyr Arg His Tyr Phe Asn Tyr Ile Ala Arg Ser Pro Pro Glu	
85 90 95	
gaa cta gct acc gtt aga ggc tta atc gtg cca att att aag acg acc	336
Glu Leu Ala Thr Val Arg Gly Leu Ile Val Pro Ile Ile Lys Thr Thr	
100 105 110	
cct gtc acc ctt ccg ttt aac ttg ggt cag aca gtg gcg gat aac tgc	384
Pro Val Thr Leu Pro Phe Asn Leu Gly Gln Thr Val Ala Asp Asn Cys	
115 120 125	
ctg tcg tta tcc gga atg ggt tat cat tta ggt ctc gga ggt tat tgt	432
Leu Ser Leu Ser Gly Met Gly Tyr His Leu Gly Leu Gly Gly Tyr Cys	
130 135 140	
ccg aca tgc act gca tct gga gaa ccg cgt cta tgt cga acc gat cgg	480
Pro Thr Cys Thr Ala Ser Gly Glu Pro Arg Leu Cys Arg Thr Asp Arg	
145 150 155 160	
gcg gct ctg ata cta gca tat gtt cag cag ctt aac aac ata tac gaa	528
Ala Ala Leu Ile Leu Ala Tyr Val Gln Gln Leu Asn Asn Ile Tyr Glu	
165 170 175	
tat cgt gtg ttt ctt gca tcc att ttg gcg cta tca gac cga gcc aac	576
Tyr Arg Val Phe Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Ser Asp Arg Ala Asn	
180 185 190	
atg caa gca gcg tcc gct gaa ccc cta ttg tcg agc gta ttg gca caa	624
Met Gln Ala Ala Ser Ala Glu Pro Leu Leu Ser Ser Val Leu Ala Gln	
195 200 205	
ccg gaa tta ttt ttt atg tat cat att atg agg gag ggg ggc atg cga	672

Pro Glu Leu Phe Phe Met Tyr His Ile Met Arg Glu Gly Gly Met Arg  
 210 215 220

gat ata cgc gta ctt ttt tat cgt gat gga gat gcc gga ggg ttt atg 720  
 Asp Ile Arg Val Leu Phe Tyr Arg Asp Gly Asp Ala Gly Gly Phe Met  
 225 230 235 240

atg tat gtt ata ttt ccg ggg aaa tct gtt cac ctc cat tac aga cta 768  
 Met Tyr Val Ile Phe Pro Gly Lys Ser Val His Leu His Tyr Arg Leu  
 245 250 255

atc gat cat ata cag gcc gcg tgt cgg ggg tat aaa ata gtc gca cac 816  
 Ile Asp His Ile Gln Ala Ala Cys Arg Gly Tyr Lys Ile Val Ala His  
 260 265 270

gtt tgg cag aca aca ttt tta ctg tcg gta tgt cgc aac cca gaa caa 864  
 Val Trp Gln Thr Thr Phe Leu Leu Ser Val Cys Arg Asn Pro Glu Gln  
 275 280 285

caa aca gag act gtg gtg cca tcc att gga aca tcg gac gtt tac tgt 912  
 Gln Thr Glu Thr Val Val Pro Ser Ile Gly Thr Ser Asp Val Tyr Cys  
 290 295 300

aaa atg tgt gac ctt aac ttt gat gga gaa ttg ctt ttg gaa tac aaa 960  
 Lys Met Cys Asp Leu Asn Phe Asp Gly Glu Leu Leu Leu Glu Tyr Lys  
 305 310 315 320

aga ctc tac gca tta ttt gat gac ttt gtt cct cct cgg tga 1002  
 Arg Leu Tyr Ala Leu Phe Asp Asp Phe Val Pro Pro Arg  
 325 330

<210> 44  
 <211> 333  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 44

Met His Leu Lys Pro Thr Arg Phe Phe His Ala Asn Gln Pro Pro Met  
 1 5 10 15

Pro His Ser Tyr Glu Met Glu Asp Leu Cys Phe Asp Asp Met Gln Tyr  
 20 25 30

Arg Trp Ser Pro Ser Asn Thr Pro Tyr Arg Ser Met Ser Arg Arg Tyr  
 35 40 45

Lys Ser Val Ser Arg Ser Gly Pro Ser Met Arg Val Arg Ser Arg Thr  
50 55 60

Pro Cys Arg Arg Gln Thr Ile Arg Gly Lys Leu Met Ser Lys Glu Arg  
65 70 75 80

Ser Val Tyr Arg His Tyr Phe Asn Tyr Ile Ala Arg Ser Pro Pro Glu  
85 90 95

Glu Leu Ala Thr Val Arg Gly Leu Ile Val Pro Ile Ile Lys Thr Thr  
100 105 110

Pro Val Thr Leu Pro Phe Asn Leu Gly Gln Thr Val Ala Asp Asn Cys  
115 120 125

Leu Ser Leu Ser Gly Met Gly Tyr His Leu Gly Leu Gly Gly Tyr Cys  
130 135 140

Pro Thr Cys Thr Ala Ser Gly Glu Pro Arg Leu Cys Arg Thr Asp Arg  
145 150 155 160

Ala Ala Leu Ile Leu Ala Tyr Val Gln Gln Leu Asn Asn Ile Tyr Glu  
165 170 175

Tyr Arg Val Phe Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Ser Asp Arg Ala Asn  
180 185 190

Met Gln Ala Ala Ser Ala Glu Pro Leu Leu Ser Ser Val Leu Ala Gln  
195 200 205

Pro Glu Leu Phe Phe Met Tyr His Ile Met Arg Glu Gly Gly Met Arg  
210 215 220

Asp Ile Arg Val Leu Phe Tyr Arg Asp Gly Asp Ala Gly Gly Phe Met  
225 230 235 240

Met Tyr Val Ile Phe Pro Gly Lys Ser Val His Leu His Tyr Arg Leu

245

250

255

Ile Asp His Ile Gln Ala Ala Cys Arg Gly Tyr Lys Ile Val Ala His  
 260 265 270

Val Trp Gln Thr Thr Phe Leu Leu Ser Val Cys Arg Asn Pro Glu Gln  
 275 280 285

Gln Thr Glu Thr Val Val Pro Ser Ile Gly Thr Ser Asp Val Tyr Cys  
 290 295 300

Lys Met Cys Asp Leu Asn Phe Asp Gly Glu Leu Leu Leu Glu Tyr Lys  
 305 310 315 320

Arg Leu Tyr Ala Leu Phe Asp Asp Phe Val Pro Pro Arg  
 325 330

<210> 45  
 <211> 1533  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1533)

<400> 45  
 atg gat gct gac gac aca ccc ccc aac ctc caa ata tct cca act gca 48  
 Met Asp Ala Asp Asp Thr Pro Pro Asn Leu Gln Ile Ser Pro Thr Ala  
 1 5 10 15  
 gga cct ttg cgt tcc cac cac aat acc gac gga cat gaa cca aat gca 96  
 Gly Pro Leu Arg Ser His His Asn Thr Asp Gly His Glu Pro Asn Ala  
 20 25 30  
 acc gca gcc gat cag caa gaa cga gaa tcc acc aac ccc aca cac gga 144  
 Thr Ala Ala Asp Gln Gln Glu Arg Glu Ser Thr Asn Pro Thr His Gly  
 35 40 45  
 tgt gta aat cat cca tgg gcc aat ccg tca act gca aca tgc atg gaa 192  
 Cys Val Asn His Pro Trp Ala Asn Pro Ser Thr Ala Thr Cys Met Glu  
 50 55 60



tca cca gaa cga tca caa cag aca agc tta ttt tta tta aag cac ggc Ser Pro Glu Arg Ser Gln Gln Thr Ser Leu Phe Leu Leu Lys His Gly 65 70 75 80	240
tta acg aga gat cca ata cat caa cgc gaa agg gtg gac gtt ttt cca Leu Thr Arg Asp Pro Ile His Gln Arg Glu Arg Val Asp Val Phe Pro 85 90 95	288
caa ttt aac aaa ccc cca tgg gtt ttt aga att tcc aaa tta tcc cgt Gln Phe Asn Lys Pro Pro Trp Val Phe Arg Ile Ser Lys Leu Ser Arg 100 105 110	336
tta att gta ccc atc ttc acg ctc aat gaa cag tta tgt ttt tct aaa Leu Ile Val Pro Ile Phe Thr Leu Asn Glu Gln Leu Cys Phe Ser Lys 115 120 125	384
tta cag att cga gat aga ccc agg ttt gcg gga cgg gga acg tat ggg Leu Gln Ile Arg Asp Arg Pro Arg Phe Ala Gly Arg Gly Thr Tyr Gly 130 135 140	432
cgt gtt cat ata tac cca tcg tca aaa ata gct gta aaa acc atg gac Arg Val His Ile Tyr Pro Ser Ser Lys Ile Ala Val Lys Thr Met Asp 145 150 155 160	480
agt cgt gtt ttt aat aga gag tta att aac gcg att tta gcg agt gag Ser Arg Val Phe Asn Arg Glu Leu Ile Asn Ala Ile Leu Ala Ser Glu 165 170 175	528
ggt tct ata cga gca ggg gaa agg cta ggt att tct agc ata gtt tgc Gly Ser Ile Arg Ala Gly Glu Arg Leu Gly Ile Ser Ser Ile Val Cys 180 185 190	576
ctt tta ggt ttt tcg tta caa acc aaa cag cta ctg ttt ccg gca tac Leu Leu Gly Phe Ser Leu Gln Thr Lys Gln Leu Leu Phe Pro Ala Tyr 195 200 205	624
gac atg gat atg gat gaa tac att gtt cgc ctg tcc aga cgg ttg aca Asp Met Asp Met Asp Glu Tyr Ile Val Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr 210 215 220	672
ata cct gat cac ata gac aga aaa att gcc cat gta ttt tta gat ttg Ile Pro Asp His Ile Asp Arg Lys Ile Ala His Val Phe Leu Asp Leu 225 230 235 240	720
gct caa gcg ttg acg ttt tta aat cga acg tgc ggc ctg acc cac cta Ala Gln Ala Leu Thr Phe Leu Asn Arg Thr Cys Gly Leu Thr His Leu 245 250 255	768
gat gtg aaa tgt ggc aat att ttt ctt aac gtc gac aac ttt gcc tcg Asp Val Lys Cys Gly Asn Ile Phe Leu Asn Val Asp Asn Phe Ala Ser 260 265 270 275 280 285 290 295	816

260	265	270	
ttg gaa ata acc aca gca gta atc gga gac tat agc cta gta aca tta Leu Glu Ile Thr Thr Ala Val Ile Gly Asp Tyr Ser Leu Val Thr Leu 275 280 285			864
aat acg tat tcc ctt tgt act cga gcg ata ttt gaa gtt gga aat cca Asn Thr Tyr Ser Leu Cys Thr Arg Ala Ile Phe Glu Val Gly Asn Pro 290 295 300			912
tcc cac ccg gag cac gta cta cgc gta ccc cgg gat gca tcg cag atg Ser His Pro Glu His Val Leu Arg Val Pro Arg Asp Ala Ser Gln Met 305 310 315 320			960
tca ttt cgt ttg gtg ttg agt cat gga aca aac caa ccc cct gaa atc Ser Phe Arg Leu Val Leu Ser His Gly Thr Asn Gln Pro Pro Glu Ile 325 330 335			1008
ttg ctt gat tat att aat gga acg ggc ctt act aaa tat act gga acc Leu Leu Asp Tyr Ile Asn Gly Thr Gly Leu Thr Lys Tyr Thr Gly Thr 340 345 350			1056
ttg ccc caa aga gtt gga ctt gcg att gat ctt tat gca ttg ggc caa Leu Pro Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Leu Tyr Ala Leu Gly Gln 355 360 365			1104
gca ctc tta gaa gtt atc ctg cta gga cgt ctt ccc gga caa ctg ccc Ala Leu Leu Glu Val Ile Leu Leu Gly Arg Leu Pro Gly Gln Leu Pro 370 375 380			1152
att tca gta cat cgg acc ccg cat tat cac tac tac ggt cat aag tta Ile Ser Val His Arg Thr Pro His Tyr His Tyr Tyr Gly His Lys Leu 385 390 395 400			1200
tca cca gat ttg gcg ctt gat acg ctg gca tat cga tgt gtc ctg gcg Ser Pro Asp Leu Ala Leu Asp Thr Leu Ala Tyr Arg Cys Val Leu Ala 405 410 415			1248
cca tat ata ctc cca tct gac atc ccc ggg gac tta aat tat aat ccc Pro Tyr Ile Leu Pro Ser Asp Ile Pro Gly Asp Leu Asn Tyr Asn Pro 420 425 430			1296
ttt ata cac gcc gga gag ctg aac acc cgt att tcc cgg aat tct tta Phe Ile His Ala Gly Glu Leu Asn Thr Arg Ile Ser Arg Asn Ser Leu 435 440 445			1344
cgc cgg ata ttc cag tgt cac gca gtg cgt tac ggc gta acg cac tca Arg Arg Ile Phe Gln Cys His Ala Val Arg Tyr Gly Val Thr His Ser 450 455 460			1392

aag ctt ttc gaa ggc ata cgc att ccg gcc tca tta tac cca gcc act 1440  
 Lys Leu Phe Glu Gly Ile Arg Ile Pro Ala Ser Leu Tyr Pro Ala Thr  
 465 470 475 480

gtt gtt aca tcg ttg ttg tgt cac gat aat tca gaa ata cgc tcg gat 1488  
 Val Val Thr Ser Leu Leu Cys His Asp Asn Ser Glu Ile Arg Ser Asp  
 485 490 495

cac cct tta tta tgg cac gat cgg gat tgg ata gga tcg aca taa 1533  
 His Pro Leu Leu Trp His Asp Arg Asp Trp Ile Gly Ser Thr  
 500 505 510

<210> 46  
 <211> 510  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 46

Met Asp Ala Asp Asp Thr Pro Pro Asn Leu Gln Ile Ser Pro Thr Ala  
 1 5 10 15

Gly Pro Leu Arg Ser His His Asn Thr Asp Gly His Glu Pro Asn Ala  
 20 25 30

Thr Ala Ala Asp Gln Gln Glu Arg Glu Ser Thr Asn Pro Thr His Gly  
 35 40 45

Cys Val Asn His Pro Trp Ala Asn Pro Ser Thr Ala Thr Cys Met Glu  
 50 55 60

Ser Pro Glu Arg Ser Gln Gln Thr Ser Leu Phe Leu Leu Lys His Gly  
 65 70 75 80

Leu Thr Arg Asp Pro Ile His Gln Arg Glu Arg Val Asp Val Phe Pro  
 85 90 95

Gln Phe Asn Lys Pro Pro Trp Val Phe Arg Ile Ser Lys Leu Ser Arg  
 100 105 110

Leu Ile Val Pro Ile Phe Thr Leu Asn Glu Gln Leu Cys Phe Ser Lys  
 115 120 125

Leu Gln Ile Arg Asp Arg Pro Arg Phe Ala Gly Arg Gly Thr Tyr Gly  
130 135 140

Arg Val His Ile Tyr Pro Ser Ser Lys Ile Ala Val Lys Thr Met Asp  
145 150 155 160

Ser Arg Val Phe Asn Arg Glu Leu Ile Asn Ala Ile Leu Ala Ser Glu  
165 170 175

Gly Ser Ile Arg Ala Gly Glu Arg Leu Gly Ile Ser Ser Ile Val Cys  
180 185 190

Leu Leu Gly Phe Ser Leu Gln Thr Lys Gln Leu Leu Phe Pro Ala Tyr  
195 200 205

Asp Met Asp Met Asp Glu Tyr Ile Val Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr  
210 215 220

Ile Pro Asp His Ile Asp Arg Lys Ile Ala His Val Phe Leu Asp Leu  
225 230 235 240

Ala Gln Ala Leu Thr Phe Leu Asn Arg Thr Cys Gly Leu Thr His Leu  
245 250 255

Asp Val Lys Cys Gly Asn Ile Phe Leu Asn Val Asp Asn Phe Ala Ser  
260 265 270

Leu Glu Ile Thr Thr Ala Val Ile Gly Asp Tyr Ser Leu Val Thr Leu  
275 280 285

Asn Thr Tyr Ser Leu Cys Thr Arg Ala Ile Phe Glu Val Gly Asn Pro  
290 295 300

Ser His Pro Glu His Val Leu Arg Val Pro Arg Asp Ala Ser Gln Met  
305 310 315 320

Ser Phe Arg Leu Val Leu Ser His Gly Thr Asn Gln Pro Pro Glu Ile  
325 330 335

Leu Leu Asp Tyr Ile Asn Gly Thr Gly Leu Thr Lys Tyr Thr Gly Thr  
340 345 350

Leu Pro Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Leu Tyr Ala Leu Gly Gln  
355 360 365

Ala Leu Leu Glu Val Ile Leu Leu Gly Arg Leu Pro Gly Gln Leu Pro  
370 375 380

Ile Ser Val His Arg Thr Pro His Tyr His Tyr Tyr Gly His Lys Leu  
385 390 395 400

Ser Pro Asp Leu Ala Leu Asp Thr Leu Ala Tyr Arg Cys Val Leu Ala  
405 410 415

Pro Tyr Ile Leu Pro Ser Asp Ile Pro Gly Asp Leu Asn Tyr Asn Pro  
420 425 430

Phe Ile His Ala Gly Glu Leu Asn Thr Arg Ile Ser Arg Asn Ser Leu  
435 440 445

Arg Arg Ile Phe Gln Cys His Ala Val Arg Tyr Gly Val Thr His Ser  
450 455 460

Lys Leu Phe Glu Gly Ile Arg Ile Pro Ala Ser Leu Tyr Pro Ala Thr  
465 470 475 480

Val Val Thr Ser Leu Leu Cys His Asp Asn Ser Glu Ile Arg Ser Asp  
485 490 495

His Pro Leu Leu Trp His Asp Arg Asp Trp Ile Gly Ser Thr  
500 505 510

<210> 47  
<211> 246



<213> Varicella zoster

<222> (1)..(246)

tgt taa	246
Cys	

<213> Varicella zoster

Asn Ser Glu Phe Phe Glu Asp Phe Asp Phe Asp Glu Asn Val Thr Glu

35

40

45

Asp Ala Asp Lys Ser Thr Gln Arg Arg Pro Arg Val Ile Asp Val Thr  
 50 55 60

Pro Lys Arg Lys Pro Ser Gly Lys Ser Ser His Ser Lys Cys Ala Lys  
 65 70 75 80

Cys

<210> 49  
 <211> 735  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(735)

<400> 49  
 atg aaa aat ccg cag aaa tta gcg atc aca ttc ttg ccg ctc tac gtg 48  
 Met Lys Asn Pro Gln Lys Leu Ala Ile Thr Phe Leu Pro Leu Tyr Val  
 1 5 10 15  
 atc cca acg tac acg ttg tgt att aaa gca ttg tat aaa aac acg cat 96  
 Ile Pro Thr Tyr Thr Leu Cys Ile Lys Ala Leu Tyr Lys Asn Thr His  
 20 25 30  
 gcg ggc ttg ctg ttc tca ttt cta ggt ttt gtc tta aat aca ccc gcc 144  
 Ala Gly Leu Leu Phe Ser Phe Leu Gly Phe Val Leu Asn Thr Pro Ala  
 35 40 45  
 atg agc atc tct gga ccc cca acg acg ttt att tta tat agg tta cat 192  
 Met Ser Ile Ser Gly Pro Pro Thr Thr Phe Ile Leu Tyr Arg Leu His  
 50 55 60  
 ggg gtt agg cgg gtt ctt cac tgg act tta ccg gat cat gaa caa aca 240  
 Gly Val Arg Arg Val Leu His Trp Thr Leu Pro Asp His Glu Gln Thr  
 65 70 75 80  
 ctc tac gca ttt acg ggt ggg tca aga tca atg gcg gtg aag acg gac 288  
 Leu Tyr Ala Phe Thr Gly Gly Ser Arg Ser Met Ala Val Lys Thr Asp  
 85 90 95

gct cga tgt gat aca atg agc ggt ggt atg atc gtc ctt caa cac acc 336  
 Ala Arg Cys Asp Thr Met Ser Gly Gly Met Ile Val Leu Gln His Thr  
 100 105 110

cat aca gtg acc ctg cta acc ata gac tgt tct act gac ttt tca tca 384  
 His Thr Val Thr Leu Leu Thr Ile Asp Cys Ser Thr Asp Phe Ser Ser  
 115 120 125

tac gca ttt acg cac cgg gat ttc cac tta cag gac aaa ccc cac gca 432  
 Tyr Ala Phe Thr His Arg Asp Phe His Leu Gln Asp Lys Pro His Ala  
 130 135 140

aca ttt gcg atg ccg ttt atg tcc tgg gtc ggt tct gac cca aca tct 480  
 Thr Phe Ala Met Pro Phe Met Ser Trp Val Gly Ser Asp Pro Thr Ser  
 145 150 155 160

cag ctg tac agt aat gtg ggg ggg gta cta tcc gta ata acg gaa gat 528  
 Gln Leu Tyr Ser Asn Val Gly Gly Val Leu Ser Val Ile Thr Glu Asp  
 165 170 175

gac cta tcc atg tgt atc tca att gtt ata tac ggt tta cgg gta aac 576  
 Asp Leu Ser Met Cys Ile Ser Ile Val Ile Tyr Gly Leu Arg Val Asn  
 180 185 190

aga cct gac gat cag acc aca cca aca cca acc ccg cac cag tat aca 624  
 Arg Pro Asp Asp Gln Thr Thr Pro Thr Pro Thr Pro His Gln Tyr Thr  
 195 200 205

tcg caa agg cgg cag cct gaa acc aac tgt cct tct tca cca caa ccg 672  
 Ser Gln Arg Arg Gln Pro Glu Thr Asn Cys Pro Ser Ser Pro Gln Pro  
 210 215 220

gcc ttt ttc aca tca gac gac gac gtt ctt tcg tta ata tta cgg gac 720  
 Ala Phe Phe Thr Ser Asp Asp Asp Val Leu Ser Leu Ile Leu Arg Asp  
 225 230 235 240

gcc gca aac gcg taa 735  
 Ala Ala Asn Ala

<210> 50  
 <211> 244  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 50

Met Lys Asn Pro Gln Lys Leu Ala Ile Thr Phe Leu Pro Leu Tyr Val  
 1 5 10 15

Ile Pro Thr Tyr Thr Leu Cys Ile Lys Ala Leu Tyr Lys Asn Thr His  
20 25 30

Ala Gly Leu Leu Phe Ser Phe Leu Gly Phe Val Leu Asn Thr Pro Ala  
35 40 45

Met Ser Ile Ser Gly Pro Pro Thr Thr Phe Ile Leu Tyr Arg Leu His  
50 55 60

Gly Val Arg Arg Val Leu His Trp Thr Leu Pro Asp His Glu Gln Thr  
65 70 75 80

Leu Tyr Ala Phe Thr Gly Gly Ser Arg Ser Met Ala Val Lys Thr Asp  
85 90 95

Ala Arg Cys Asp Thr Met Ser Gly Gly Met Ile Val Leu Gln His Thr  
100 105 110

His Thr Val Thr Leu Leu Thr Ile Asp Cys Ser Thr Asp Phe Ser Ser  
115 120 125

Tyr Ala Phe Thr His Arg Asp Phe His Leu Gln Asp Lys Pro His Ala  
130 135 140

Thr Phe Ala Met Pro Phe Met Ser Trp Val Gly Ser Asp Pro Thr Ser  
145 150 155 160

Gln Leu Tyr Ser Asn Val Gly Gly Val Leu Ser Val Ile Thr Glu Asp  
165 170 175

Asp Leu Ser Met Cys Ile Ser Ile Val Ile Tyr Gly Leu Arg Val Asn  
180 185 190

Arg Pro Asp Asp Gln Thr Thr Pro Thr Pro Thr Pro His Gln Tyr Thr  
195 200 205

Ser Gln Arg Arg Gln Pro Glu Thr Asn Cys Pro Ser Ser Pro Gln Pro  
210 215 220

Ala Phe Phe Thr Ser Asp Asp Asp Val Leu Ser Leu Ile Leu Arg Asp  
225 230 235 240

Ala Ala Asn Ala

<210> 51  
<211> 124884  
<212> DNA  
<213> Varicella zoster

<220>  
<221> CDS  
<222> (5569)..(6405)

<220>  
<221> CDS  
<222> (6553)..(7095)

<220>  
<221> CDS  
<222> (12245)..(12553)

<220>  
<221> CDS  
<222> (15752)..(19684)

<220>  
<221> CDS  
<222> (20400)..(21803)

<220>  
<221> CDS  
<222> (23666)..(24583)

<220>  
<221> CDS  
<222> (25259)..(25474)

<220>  
<221> CDS  
<222> (31035)..(32030)



<220>  
<221> CDS  
<222> (54592).. (56217)

<220>  
<221> CDS  
<222> (60132).. (60908)

<220>  
<221> CDS  
<222> (60975).. (62714)

<220>  
<221> CDS  
<222> (62747).. (64564)

<220>  
<221> CDS  
<222> (74249).. (77833)

<220>  
<221> CDS  
<222> (80267).. (80737)

<220>  
<221> CDS  
<222> (80864).. (81673)

<220>  
<221> CDS  
<222> (81747).. (82454)

<220>  
<221> CDS  
<222> (94410).. (95861)

<220>  
<221> CDS  
<222> (96040).. (98367)

<220>  
<221> CDS  
<222> (98392).. (99312)

<220>  
<221> CDS  
<222> (101091).. (102317)

<220>  
<221> CDS

<222> (102407)..(103627)

<220>

<221> CDS

<222> (103772)..(105454)

<220>

<221> CDS

<222> (114218)..(115408)

<220>

<221> CDS

<222> (116308)..(119559)

<220>

<221> CDS

<222> (119611)..(120633)

<220>

<221> CDS

<222> (120744)..(122102)

<220>

<221> CDS

<222> (122438)..(122977)

<220>

<221> CDS

<222> (123970)..(124296)

<400> 51

cctctcccgg ggtccgccgg gcgcccagaa accggggggg ggttattttc ggggggggggt	60
ccgaccagcc cgcccgtcgc ccgcccgcac agacagacag acactttttt cataaaaacc	120
gttccgcttt tattaacaac aaacagtccg cgcgccagtg gcgctcacga gaaaaggagg	180
ggactccgtc acccccgact ctgcgggggg ctcctcccc cgcgccctcc ccacacatcg	240
tcctcgtcct cggaggacga ggacgaggac aacagctcca ccttgaccgc cgggcgcaaa	300
cccacccggc ggtctcgcag cacacccggg gccaccgaca cgatgctcac cccaaaggat	360
gaccccgggtg cgtccccgtc gtccccgccc ccctcctcgc tgtcccacgc gtcttcacac	420
cccacctccc aatcgtccag ctccaaagcg tgttctctgt cgtctgcggt gcgccgctgt	480
cgccccgcct gggtttctga cggccgttcc gagccccgt ggtgtccgaa cacgaaccgt	540
gttccgtcgc tcccctccaa caccgtctcc gcggcccca aaccgggcgg ccacattact	600

ctgggaatcg gggggagggc attccgagcc tcgtccgccg acgcatacag cgccaccgac 660  
cgaccggcca cgggtggaag cacgagtggc tctgcggcag ggctcgggttc cagcagggcg 720  
tggcggcaaa acaccctcgc ccaggtgggt acgtcgccgg cctccggccc ggccggcccc 780  
ggctctccgtc cctcgggaag gaagacgggt cgaagcgccg caccaggcc ccatcggttt 840  
gctgcgcggt ggctatgtgc cgcctcgtcc acaaagtcgg ctgccccgag cccagaccc 900  
cgagactgtc gcgcgaggtc cttgcaaccg tcaaaaccg gcagcacgta ctgccggtat 960  
tcacggggcg acagggggac gcgggtcttg gggcccgccg gggtacacac ggtgtatgcg 1020  
acgttcccac cgccggcaca acacaggggt tgttcgcccg ggtacaggtt ggcaaacgca 1080  
gtctcgatac gagcaaaact cgctggccca aaggtgcgcg acgatgcaaa cacggcccgg 1140  
gcgagtcctt ctgtgaccgc cgagtctggc catcgacga cggcctgggc gtccggtcgc 1200  
gccggggccc ggacgtacac gtgatactga gacaaagcgg gtccatccct gggccacctc 1260  
tcgagggcca ccgcgtcaa caccagcaac cggcgccggg cagaggccaa ccgcgagcct 1320  
agatactcga cggccccggc aaaggccagg tctcgggtcg acagtaataa aacgccccgg 1380  
gcgttcaaag cggacacgtc cggcgggccc gtccagttcc cggcccaggc atgagtgtc 1440  
ggcaggcaca accggttact cagggtctgc aggaccacag acagtcccc tcgggatgga 1500  
ctccatgacg gtcccggatc tgtcgcgagg gtgctctcga gggggccgtt gatgtcctct 1560  
ccgggcaacg gatcgtagat gatcagaagc ctcacatcct ccgggtctgg gatctgccgc 1620  
atccaggcgc acctccgtcg cagcgctcc actccgtgg gtggaccaa ccgtcgggtct 1680  
cctccggccc gacgccgagc ggcgatttcc gccaaggcgc cgggatcaaa gcttagcgca 1740  
gggcgccagg ccgtgggaaa caatgggtcg tcgaccagac gggcgatggt ttcgggggta 1800  
cagtacgcct tgcgagcctg gtccgacggg accggggtat gcagggcccc ccggggaata 1860  
cgccgaaatc cccgttttgg ggccggtccg tcaagtggca tcgttattac ggccgggggga 1920  
tccaccacag ggcccaggt gatggtcacg ggctcggata cccgcctctt ggccttgga 1980  
accacatgat cgtctgcaac ccgggcgtcc gcgacgggtg tctccctaata cttgtcgagg 2040  
aggcttctgc tctcgactgg ctgggacttg cgcttgccg gagttcgtaa acgatcatcc 2100

ggtggacaca cagaaagaga gcgtgcggcg gccgacggct gagggtcggg agcctgtgtg 2160  
gccgggggttg ttggagaagg gtgaccgcgg gagatccgcg ccgccggact ggagcccgtt 2220  
gcctcgggggt atgcatgct ggcaaaggct ctgcggagac tctgtaggat aaagtgtttt 2280  
tgggcccgggt cgtatcgacg gctcatagcc acggccgcgg ccgcgtgggg gagagcccag 2340  
agggcctccc ccgtggccat ggcttcgcct acatgcggaa cgggagacgc tacgctcccc 2400  
gtaacggcgg taccgccccg tcccgggtggc aacagctttt ggtagaactg gttcagggcc 2460  
gagttgacac cggtcagctt ggggttctgg agccatgcta tagggctctt gtctggacag 2520  
tagatcaggt taatcagcgc gcggtactgt ctagccggat ctcccaactc cggcacgtaa 2580  
agcggcacgg gttccgttga ggctcgtaa cgagcccgcg ccgctctcac agcctcatcc 2640  
tcccagtgac cctctctggt ctccccggac ggtccaaacc gcaccctgtt ggatgggagg 2700  
ggtgccgatc cgggccaagg gcttccgtcg ggcatcatga gcggccccga caccggggga 2760  
attatcgggg ttctggatcg cggcaggga aatgatcttct gtctctggcg ccccggttcc 2820  
cccgaagac gtttggctctt acgaatcctc ggatcgggac cgctgatgga tcgatatccc 2880  
ggttggatat tttgtttcgt cgaccaccca tcatttgagt ccgaatcatc cgaatttgac 2940  
ggggaagggg cgtgttcgcg tccggacctg ctgcctgtag tttcacttcc caccgaaacg 3000  
cgccgggggtt catcgtcttc atcctccgat gacgatcccc acgacgagga agaggatgaa 3060  
gacgaaacaa actcacgact ctttggcttt ttctccactg ggctgtcatc ctcaatcggg 3120  
tctgggtcgt gggatcttcc cggcagggcc aaaaacgctc taggtttgcc ccccgacgaa 3180  
cgtccaggga cgcgaggtgt tataccccgg gcatcatgtt tccttgggcg ggtatcatcg 3240  
gtctcaaacg gcaggtccgc ctttgcccc ttagcgggaa cgctgtccga aaggacgtgg 3300  
tacaattgct caaccgggcc gggtagaggt ccaccgggtt tccgcgccgg gagtgggacc 3360  
ttaaccttca aagtcttttt cttcgggctc tttccctgag cgggccgttg agttttctgg 3420  
agaactactc cgtccccga tgcattgcga tgaccgctt gctcatcgcc cggcttttta 3480  
cccgagatgg actgagtttg tctgtctcga tggaccaccg acggcaaacc tggatgaattt 3540  
cctctcgtcg tttgtcgggg tatagaccgc tggctcttccc gttgatcgtt cccggcggcg 3600

tctccaacag gagacgcggg ggatacaggg gagaaggcct gcgggaacgg aggggtcgta 3660  
cctctgcccg tttccccatc gttcatcggt ggTTTTggag acctagcaag cttcgttccg 3720  
agagagactg tctcaaggga gcgatcggct cctgttgggt ctcgcgcgcc ggccctccgag 3780  
aatcgggtgt ggaagacctc ggccagcggg attacaggcg agccattag atcctgaccg 3840  
tcctcgcata cgtagtcgtc ttgtgttagc tcttcgcaa catcttccgt tctgggttct 3900  
ggttgaagtc ccgatacggg gggaattgaa acgatctcgt gttcccgtcc caccatgacc 3960  
ccgttctctc caaatagtag atcgtcaggc tgactcgagg tgaccacccg ggccctgtgt 4020  
tcggcggccg ccgcggccgc gtccaacagg tccattaact ccaaagtatc aggcgacccc 4080  
gcgcgttggg gtgtagagcg ctgcatcggc ggcgtatcca tcgcactggg gtgaatttag 4140  
acgtaccga gttttccaaa cgctctcgca gccttcaaag gattgcgatt gcggttgggtg 4200  
agggagttcc aacagtactt aaaacgtgtt gtgccccccc ctcgaccgca tatttcctcc 4260  
ccgtgtcgtc accgtgtaaa tattcttaat gataagacga tgtagtgatt ggacgagact 4320  
cgaggcggga agttcatgga ccatagtatg cgtttaagga gagaccgctg gttggcgatg 4380  
tacgcccggg gtctattttc gcatacctta caacatcata acaagggata ccagacatgt 4440  
gaatttcatt tacatatgtt taaataacaa ccaatcatcg tgtgtctaca gacgatatat 4500  
aatatacata aacacaattg gggttgtctc acatgcaaaa catcttatat aacacgggtt 4560  
gtttccaccc atccggcatc tagttaatca aatgcacgtc gacggtgtgt ttgggtccct 4620  
ctccgtcgtc attacgttcg cgcaatcaac aagcgtatac accaccaccc ctcccaacga 4680  
ttatgtcagg cggcacgaag cccgcgataa ccataaaat acacacgggg ttgtgggtgtt 4740  
cacgtaaccc cccgccgatg gggagggggc gcggtacccc gccgatgggg agggggcgcg 4800  
gtaccccgcc gatggggagg gggcgcggta cccgccgat ggggaggggg cgcggtaccc 4860  
cgccgatggg gagggggcg cgtacccgc cgatgtttat aaccataatt ctctaaaccg 4920  
ttgtagaaaa tcacaaaaaa atttattcaa aaacaagtcg aagaacttca tatctgaggc 4980  
atgtaaaccc gttcgcaatt cctgggggtgg aatgggggtgg ggtggggggg tgaaaaaggg 5040  
gggggggttaa attgggcgtc cgcatgtctg tgggtgacgc caatcggata cactcttttg 5100



acc cag acg cag tgc tta cgc gct act tta atg gaa gtg tcc cat cga 5961  
Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val Ser His Arg  
120 125 130

ccc cct cgg ggg gaa gac ggg ttc att gag gcg ccg aat gtt cct ttg Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn Val Pro Leu 135 140 145	6009
cat agg agc gca ctg gaa tgt gac gta tct gat gat ggt ggt gaa gac His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly Gly Glu Asp 150 155 160	6057
gat agc gac gat gat ggg tct acg cca tcg gat gta att gaa ttt cgg Asp Ser Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile Glu Phe Arg 165 170 175	6105
gat tcc gac gcg gaa tca tcg gac ggg gaa gac ttt ata gtg gaa gaa Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile Val Glu Glu 180 185 190 195	6153
gaa tca gag gag agc acc gat tct tgt gaa cca gac ggg gta ccc ggc Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly Val Pro Gly 200 205 210	6201
gat tgt tat cga gac ggg gat ggg tgc aac acc ccg tcc cca aag aga Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser Pro Lys Arg 215 220 225	6249
ccc cag cgt gcc atc gag cga tac gcg ggt gca gaa acc gcg gaa tat Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr Ala Glu Tyr 230 235 240	6297
aca gcc gcg aaa gcg ctc acc gcg ttg ggc gag ggg ggt gta gat tgg Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly Val Asp Trp 245 250 255	6345
aag cga cgt cga cac gaa gcc ccg cgc cgg cat gat ata ccg ccc ccc Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile Pro Pro Pro 260 265 270 275	6393
cat ggc gtg tag tctttataaa taaataacaat ggtttggctc gtgtcttttt His Gly Val	6445
ttgatgtctg tctgtggggg agtgggggtgt tgtggatatt agagggtaga ggggtgctggt	6505
ttgaacgtct ccattaaccc acgggggtccc cacacgggcc gtgtgggt atg aat ctc Met Asn Leu 280	6561
tgc gga tcc cgc ggt gag cac ccg ggc ggt gaa tat gcc gga ctt tac Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala Gly Leu Tyr 285 290 295	6609

tgc aca cga cac gat acc ccc gcg cac cag gct ctc atg aac gac gcc Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met Asn Asp Ala 300 305 310	6657
gaa cgg tac ttc gcc gcc gcg cta tgc gcc ata tct acc gag gcc tac Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr Glu Ala Tyr 315 320 325	6705
gag gct ttt ata cac agc ccc tcc gag aga ccg tgc gcg agt ttg tgg Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala Ser Leu Trp 330 335 340 345	6753
ggg agg gca aag gac gcc ttc gga cgg atg tgc ggg gag ctc gca gcg Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu Leu Ala Ala 350 355 360	6801
gat aga caa cgt cca ccc tcg gtt ccg ccg atc cgc aga gcg gtg tta Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg Ala Val Leu 365 370 375	6849
tcg tta tta cgc gag caa tgc atg ccg gat cca caa tcg cat ctg gag Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser His Leu Glu 380 385 390	6897
ctc agc gag cgg ctg ata ttg atg gca tat tgg tgc tgt ttg gga cac Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys Leu Gly His 395 400 405	6945
gcc gga ctt ccg act att gga ttg tcg ccc gat aat aaa tgc atc cgc Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys Cys Ile Arg 410 415 420 425	6993
gcc gaa tta tat gac cgc ccc ggg gga att tgt cac agg ctt ttt gac Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg Leu Phe Asp 430 435 440	7041
gcg tac ctg ggc tgc ggg tcc ctt gga gtc cca aga acc tac gag aga Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr Tyr Glu Arg 445 450 455	7089
tcc tga caccatcc ctttatatag aaaaaaaaaa taaattttaa acatacaccg Ser	7145
gataaaagcg tactgttttt tatttaaatt tacacgctcg gcgttgcccc ggttcggtga	7205
tcaccgggtc ttatctatat acaccgtgta actcgaaccc ccgtgactcc ctccaatcgc	7265
gttaccaaac tcttcttccg tatccgtaga ttccgagtcc tcgaaatcgt ccactggaag	7325

gccagcgtaa tacatgcttt ggttatacgg ggacttgtct accctatagg ctttaaccct 7385  
cattcgttta gccgtacaga ttaaaaatat tacgagacat aaaagtacta ctgctgcaag 7445  
ccctccggtc catgcggcat atcgtagaag tgggtgacgtt ccgggggttta cgggggtaat 7505  
ttccttgggt ttagtagtcg ccggtggctg accggccgtt ggcggaaatc cacgctcttc 7565  
aattgcgttt acaaaatgat ctactgtgga tacaacagtg tatgctacgg cttcaacatg 7625  
cccgttaaaa tacaccacaa aaacgtataa tcccgacaaa ctctcgggtg tatctacaaa 7685  
ctttaacgtg gtgccccgt cgtgtaagat tagaccaaag ctaggctcca tatgagatat 7745  
tcccagacaa tatgcggtgt agttatctgc atgttcacaa ttttgataca ctgtgcttgc 7805  
aacacgctgg gctaaatgtg gcgaggtaaa tgtacaaccg gaattcatat gagagaggca 7865  
ttgggggtgcg ttgggatgat acaaacacgt agaataaac cgcattggtt gacatgtagg 7925  
atcgatgggg acatacaacc actctaacag caaatcaaat ggcgcttcat gtatcttata 7985  
ctgaagatgc attgccaagc taaacgtatc accaactgaa aatacatgcg agtggttaatt 8045  
ccacatatga aactcagccc ctcttggttg aggagttact gcgggcgtag ggtttcttgt 8105  
tttttcatcc cctttccagg tgaccaaaaa cgtggcgtag gtagacgtac catcggagcc 8165  
gcgcatgttc caaatgtaca cacccaagta ttgtttttct gtccgaagta ctttcaagac 8225  
acccggttca atctcggggg ggtctaattc gagttcatca aacagtgtgc tcgtgtttac 8285  
aacaatccac ggttgggtccg cttccttctt accttgaaaa cggttaactga tttcggccaa 8345  
ctgatcctct ttagtathtt ccgcgcaatc cacatccacc accacgtctt gaaagcatgt 8405  
tgtatgtttt aaacatatat gctggatggc gggcgctgcg tctcccgtac aggttaatga 8465  
cggcaaaaag ctccaagtct cgggtgtaccg gactccataa atccgctgaa tcggtgcgcg 8525  
taaagtaaac gggtgathtt cttccactga cacctcaatg agtctttggc cttgggggtt 8585  
tggattaaga tctcctttta acacgtcacc gtattgacgt tgggtccacat ttacaathtt 8645  
atgtctgtca tcgccgttta acgtagggat aacgtggatg cccgtatcgt cccaagatc 8705  
ctcctgtgca gacatttgtg tgggttgcat taaccgttcc ccgctatcga taccacggcc 8765  
ctgattatac acccatgggt gttcgtgtgc gttctctaaa aatccatcat aatcattacg 8825

tggccatata taaggtgagt tatgatcgta cgcttttcgc gaagactctc cccgatttac 8885  
ccatgaagac tccgcatgat ctgaatggta gtaaggctca tatacggagt ttgtatccag 8945  
tttgtcttca tcggtgtgaa aatcatcgta tcgcaagacg gatgctctga ccgattcgt 9005  
tatacgcaac gttcccgtga taattccgaa ccccatcaat acccccacca caggtttatt 9065  
aactgtcccc atattacagg cgaccctcgg aatatagtca cttaaaacca cgcaattcgc 9125  
ccgaggctta aaaccatgga ctgctctcgt gtataccagc tcggccttta aggcttcata 9185  
aaacatcccc gcccaaagt gggcgtgtta acttatagtt aggagattct taatccttcc 9245  
cctcatatca caacgcgtaa tcaaaacgct aaataaaacg catatagttt atttaatata 9305  
aaatccggga taattagttc tatttaacaa acgggtttac aacggaatgt gggggggatt 9365  
cttcgcgaat cgttgctagt tgtgcaatgg cggcctccaa catcacatcg gattctggtg 9425  
tcgcattttg tatgcccctt cttgtttttg tatttgggcg ataaattgga tgttttttaa 9485  
ttctacgtcg cttaacgctt attacaataa caataaccat ggcggtgagg atcatgacag 9545  
acgctactat aggaataatt ataagtagat tttctggagg atcattaagg gacttttcgg 9605  
gtaacgtgga catatccgtt ggatatacgt gattttctat cccctcctta acaacggact 9665  
tagtttctgt cgtaacaacg tcctcatgta accaagggtt atcctctaac gatttaccgg 9725  
cacgaagatc aagcatatgt tgaaacaggg aggtaccgga ccctttgggt gtcgcgggta 9785  
aatcacacaa acgagcttgt tgaaaaaggg ctcttgtaga atatccattc tgtagagacg 9845  
gagaagtgtg gataaccccg tgaatgttgt gatgcgagcc cgctgtatat acatttacac 9905  
caagaatgaa accatcggtg gatctgctat ggtctaaccg aacaagaagt acatacacac 9965  
cagcatcatt tattcccgggt ttggtaattt tcaacattac accagcatcc ggctctgttg 10025  
atatccgata cgttgagtta ccataatgcc acgaatgttt gtacctacac gaaataaaag 10085  
cgctcgttct aatccgggga catccgtcgt atcttattac ttgtactgac cggaacaaaa 10145  
acgccaccgt atccgcgtat aacagttcca gtgttccgct atagtttgte ccggtaggta 10205  
gttgctctcc aataaagaca agctgtcctt ttatctctgt ataattatca ttttgcatgg 10265  
gaataaggat agacgtgaga ctgctgttaa cttgcaagct cacgtggtcg cccttgaaga 10325



tcaaagcggtt ggtcacttgt atgtaaaata taacggccga tatcaaacat tggattaaaa 10385  
acatcgcgat taaatgagggc gcaccagtat acccaactac accgaagagc agctctgtga 10445  
gccggggggag gggacgcttt tcagcgctac tacaatgtta agaaaatgat cccgtgtttt 10505  
atccttggtg taatggggcg tgactctgta ttaagtttct attggttatg ttatttatat 10565  
tagtatttca aaacattgcg cgtttgtacc ctatttgcct taacgggtta tacgttataa 10625  
acacaattta tacaatattt tattaacagg cttaatgaat tttaatctcc aacttccatt 10685  
ggatttggat atggatcggg aagagtttgg aaaacagagt ggtaagcaa cacctctgct 10745  
gatggtcgat gacgtgcgtc aaacgataac atcttacata tcaaatactc caaatcaatt 10805  
ggcaactcat atagatttgt ccacaatggc ctggatccgg gttttcgaga agaccgtttt 10865  
gccaaaccaa tgtattgtcg acgaagattt gatgtagggt taatgggaaa ttcattggga 10925  
tgagtccag atcgtcgtat aataagttta atttgacgct cactgtcaca attgccatct 10985  
aaaccgtctc gttcaaataa cgagttctgt cctgtagcca tttcaaataa tacaatcccg 11045  
gcactccata tgtccacggc aggtccatat ggatctctag ccaataactc aggagagttt 11105  
gtggcgattg ttccagccca gccataatac ctgttggcat taatatccac ggggaaacac 11165  
gctgctccaa agtctccac acaaacatca cctgggtggg taataaatat attttcagat 11225  
tttatatcac ggtgaataat actgttatta tgaagatact gtaacgcgcg taatacagat 11285  
cgctgaattg ctaaaatgtc acatatgggg aggttgcgct ttgcagctag atagcagtat 11345  
aatctgttc ggtaacgtgg taatataaga catgtcattt tgttatacgt aaacgttcct 11405  
ttaagctgta caacggatgg gtgggttaac gctcttaaca cggttgcctc ggtggccgtt 11465  
ccttgacgtt gaccgcttt aatgaccaca tggtcacatg ttttactgtc catacacgca 11525  
aacgcaaac cttccgcccc tgggtgtaac gtttttaata ttacaaatcc cgctttatta 11585  
attccaacgc gtgcttctgc gcacaatgcc acagaggctt cggcttcagt ttcgtgtaca 11645  
ccatcaaata tattaaga ctgtatatcc atgttaacgt cataattggg atcatcctca 11705  
gattctatgc cgggcgacat ttcaactgga aacatctgtt gtataaaccc acatgtttgc 11765  
ataatatgtg acggtgatgt tgagatggcg ccacggaact ttccttgtcc acaaagggtg 11825

tctgttgcat caacgtcgtt cattatactt gtatacccg acttatgttg atagtgttaa 11885  
 tgaaccaaaa acctgttgtc caacaactgt acaaaatata ctcaccgaca cacttataaa 11945  
 gtgatccgat tataagaggg cggagataat gacaaaaagg ggaggggtta aacataactt 12005  
 acaaatatgg atttgattgt tcctaggatt attaataatg tctacatgtt ttatttaata 12065  
 ataacgtaag gtaactttac ctctttgtga gaatgtcggg atagctgaca acgtttatga 12125  
 aaacgcgctt taaacgacct attgatgaat aatctagaat cttgcatgta tataaatatc 12185  
 aaaaggtgtg gtattaaaca cttttaaact agcctgctgg ccttacaatc tggatttct 12244  
 atg gcc gga caa aac acc atg gag ggt gag gcc gtg gcc tta ctg atg 12292  
 Met Ala Gly Gln Asn Thr Met Glu Gly Glu Ala Val Ala Leu Leu Met  
 460 465 470  
 gaa gcg gtg gta acc ccg cga gcg caa cca aat aat aca acg ata aca 12340  
 Glu Ala Val Val Thr Pro Arg Ala Gln Pro Asn Asn Thr Thr Ile Thr  
 475 480 485 490  
 gcc ata caa ccg agc cgt tcg gct gaa aag tgt tat tat agt gat agc 12388  
 Ala Ile Gln Pro Ser Arg Ser Ala Glu Lys Cys Tyr Tyr Ser Asp Ser  
 495 500 505  
 gaa aat gaa acg gca gat gaa ttt ttg cgt cga att gga aaa tat caa 12436  
 Glu Asn Glu Thr Ala Asp Glu Phe Leu Arg Arg Ile Gly Lys Tyr Gln  
 510 515 520  
 cat aaa ata tat cat cgt aaa aaa ttc tgt tat att acg cta ata att 12484  
 His Lys Ile Tyr His Arg Lys Lys Phe Cys Tyr Ile Thr Leu Ile Ile  
 525 530 535  
 gtc ttt gta ttt gct atg acg gga gcg gcc ttt gcc ttg gga tat ata 12532  
 Val Phe Val Phe Ala Met Thr Gly Ala Ala Phe Ala Leu Gly Tyr Ile  
 540 545 550  
 acg tca caa ttt gtt gga taa gtggacgatt tcgaggactc ggaatctacg 12583  
 Thr Ser Gln Phe Val Gly  
 555 560  
 gatacgggaag aagagtttgg taacgcgatt ggagggagtc acgggggttc gagttacacg 12643  
 gtgtatatag ataagacccg gtgatcaccg aaccggggca acgccgagcg tgtaaattta 12703  
 aataaaaaac agtacgcttt tatccggtgt atgttttaaa tttatttttt ttttctatat 12763  
 aaagggatgg ggtgtcagga tctctcgtag gttcttggga ctccaaggga cccgcagccc 12823

aggtacgcgt caaaaagcct gtgacaaatt cccccggggc ggtcatataa ttcggcgcgg 12883  
atgcatttat tatcgggcga caatccaata gtcggaagtc cggcgtgtcc caaacagcac 12943  
caatatgcca tcaatatcag ccgctcgctg agctccagat gcgattgtgg atccggcatg 13003  
cattgctcgc gtaataacga taacaccgct ctgcggatcg gcggaaccga ggggtggacgt 13063  
tgtctatccg ctgcgagctc cccgcacatc cgtccgaagg cgtcctttgc cctccccac 13123  
aaactcgcgc acggtctctc ggaggggctg tgtataaaag cctcgtaggc ctcggtagat 13183  
atggcgcata gcgcggcggc gaagtaccgt tcggcgtcgt tcatgagagc ctggtgcgcg 13243  
ggggtatcgt gtcgtgtgca gtaaagtccg gcatattcac cgcccgggtg ctcaccgcgg 13303  
gatccgcaga gattcatacc acacggcccg tgtggggacc ccgtgggtta atggagacgt 13363  
tcaaaccagc accctctacc ctctaatac cacaacacc cactccccca cagacagaca 13423  
tcaaaaaaag acacgagcca aaccattgta tttatttata aagactacac gccatggggg 13483  
ggcgggtatat catgccggcg cggggcttcg tgtcgacgtc gcttccaatc tacaccccc 13543  
tcgccaacg cggtgagcgc tttcgcggt gtatattccg cggtttctgc acccgcgat 13603  
cgctcgatgg cacgctgggg tctctttggg gacgggggtgt tgcacccatc cccgtctcga 13663  
taacaatcgc cgggtacccc gtctggttca caagaatcgg tgctctctc tgattcttct 13723  
tccactataa agtcttcccc gtccgatgat tccgcgtcgg aatcccga aa ttcaattaca 13783  
tccgatggcg tagacccatc atcgctgcta tcgtcttcac caccatcatc agatacgtca 13843  
cattccagtg cgctcctatg caaaggaaca ttcggcgcct caatgaaccc gtcttcccc 13903  
cgaggggggtc gatgggacac ttccattaaa gtagcgcgta agcactgcgt ctgggtgggt 13963  
tgaagctgta acaattctc ccagcacgct aacgtgggac gctgtctggt gcgaccatt 14023  
agataaaagt cgaggcatat gcgccgaat cttcgtgaat ctgcgtgac gcgtcccgac 14083  
gactgtgcaa tacataaaaa aacacggttg atgtcctcaa cgagcctggc cgggtggatc 14143  
tccaacccg gagtacaaaa cgcgccgggg ccccgcgacg tatcccgcc gttcaggggt 14203  
cctggtgcag atccatattc catctttccg ttaacatcaa ccgatcccc gggttttgac 14263  
tcggacgagt cgccccgcgt agccggtgag gtgcaaaaca tgtccttggg gccgtagtaa 14323

ccttttccct taaaaccgac tcgacgctgt cgcgttatga atcggacgaa ccctgcacaa 14383  
caaaacacac acccaaacgt ttacatctat gaataaggct acttgggtaa aatggcaatg 14443  
ggggattccg gggcgggaga ccttcgattg ggttgccttt ataacaccaa aaaaaggggg 14503  
gggccccgtg tgtttttttt tatcacgtca aatcgatttt aaaaagcctg ccgctccatt 14563  
tggaatatat atattctgtg aaaagcccgc ccacaccca taaaaccgcg acatcgcggg 14623  
aacacgcgcg aacaagaaac tctctctctt tctctatata tatatatata tatatatata 14683  
tatatagaaa gaaagtgcga acggtgggtg gacacatgcc aaaacatgaa aaccataca 14743  
gtgaaaaaac gggaagtgcg aatgcagatc aaaagagtgt atccgattgg cgtacaccac 14803  
agacatgcgg acgccaatt taaccccccc cctttttcac cccccaccc caccatttc 14863  
caccacagga agtgcgaacg ggtttacatg cctcagatat gaagttcttc gacttgtttt 14923  
tgaataaatt tttttgtgat tttctacaac ggttttagaga attatggtta taaacatcgg 14983  
cggggtaccg cgccccctcc ccatcggcgg ggtaccgcgc cccctccca tcggcgggg 15043  
accgcgcccc ctccccatcg gcgggggtacc gcgccccctc cccatcggcg gggtagcgcg 15103  
ccccctcccc atcggcgggg ggttacgtga acaccacaac cccgtgtgta ttttatgggt 15163  
tatcgcgggc ttcgtgccgc ctgacataat cgttgggagg ggtgggtgggt tatacgcttg 15223  
ttgattgcgc gaacgtaatg acgacggaga gggacccaaa cacaccgtcg acgtgcattt 15283  
gattaactag atgccgatg ggtggaaaca acccgtgtta tataagatgt tttgcatgtg 15343  
agacaacccc aattgtgttt atgtatatta tatatcgtct gtagacacac gatgattggt 15403  
tgttatttaa acatatgtaa atgaaattca catgtctggt atcccttggt atgatgttgt 15463  
aaggtatgcg gaaatagaca ccgggcgtac atcgccaacc agcgggtctct ccttaaacgc 15523  
atactatggt ccatgaactt cccgcctcga gtctcgtcca atcactacat cgtcttatca 15583  
ttaagaatat ttacacggtg acgacacggg gaggaatat gcggtcgagg ggggggcaca 15643  
acacgtttta agtactgttg gaactccctc accaaccgca atcgcaatcc tttgaaggct 15703  
gcgagagcgt ttggaaaact cgggtacgtc taaattcacc ccagtgcg atg gat acg 15760  
Met Asp Thr



ccg ccg atg cag cgc tct aca ccc caa cgc gcg ggg tcg cct gat act Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser Pro Asp Thr 565 570 575	15808
ttg gag tta atg gac ctg ttg gac gcg gcc gcg gcg gcc gcc gaa cac Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu His 580 585 590 595	15856
agg gcc cgg gtg gtc acc tcg agt cag cct gac gat cta cta ttt gga Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu Leu Phe Gly 600 605 610	15904
gag aac ggg gtc atg gtg gga cgg gaa cac gag atc gtt tca att ccc Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val Ser Ile Pro 615 620 625	15952
tcc gta tcg gga ctt caa cca gaa ccc aga acg gaa gat gtt ggc gaa Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp Val Gly Glu 630 635 640	16000
gag cta aca caa gac gac tac gta tgc gag gac ggt cag gat cta atg Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln Asp Leu Met 645 650 655	16048
ggc tcg cct gta atc ccg ctg gcc gag gtc ttc cac acc cga ttc tcg Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr Arg Phe Ser 660 665 670 675	16096
gag gcc ggc gcg cga gaa cca aca gga gcc gat cgc tcc ctt gag aca Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser Leu Glu Thr 680 685 690	16144
gtc tct ctc gga acg aag ctt gct agg tct cca aaa cca ccg atg aac Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro Pro Met Asn 695 700 705	16192
gat ggg gaa acg ggc aga ggt acg acc cct ccg ttc ccg cag gcc ttc Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro Gln Ala Phe 710 715 720	16240
tcc cct gta tcc ccc gcg tct cct gtt gga gac gcc gcc ggg aac gat Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala Gly Asn Asp 725 730 735	16288
caa cgg gaa gac cag cgg tct ata ccc cga caa acg acg aga gga aat Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr Arg Gly Asn 740 745 750 755	16336
tca cca ggt ttg ccg tcg gtg gtc cat cga gac aga caa act cag tcc	16384



Ser	Pro	Gly	Leu	Pro	Ser	Val	Val	His	Arg	Asp	Arg	Gln	Thr	Gln	Ser	
				760					765					770		
atc	tcg	ggt	aaa	aag	ccg	ggc	gat	gag	caa	gcg	ggt	cat	gcg	cat	gca	16432
Ile	Ser	Gly	Lys	Lys	Pro	Gly	Asp	Glu	Gln	Ala	Gly	His	Ala	His	Ala	
			775					780					785			
tcg	ggg	gac	gga	gta	gtt	ctc	cag	aaa	act	caa	cgg	ccc	gct	cag	gga	16480
Ser	Gly	Asp	Gly	Val	Val	Leu	Gln	Lys	Thr	Gln	Arg	Pro	Ala	Gln	Gly	
		790					795					800				
aag	agc	ccg	aag	aaa	aag	act	ttg	aag	gtt	aag	gtc	cca	ctc	ccg	gcg	16528
Lys	Ser	Pro	Lys	Lys	Lys	Thr	Leu	Lys	Val	Lys	Val	Pro	Leu	Pro	Ala	
	805					810					815					
cgg	aaa	ccc	ggt	gga	cct	gta	ccc	ggc	ccg	gtt	gag	caa	ttg	tac	cac	16576
Arg	Lys	Pro	Gly	Gly	Pro	Val	Pro	Gly	Pro	Val	Glu	Gln	Leu	Tyr	His	
820					825					830					835	
gtc	ctt	tcg	gac	agc	gtt	ccc	gct	aag	ggg	gca	aag	gcg	gac	ctg	ccg	16624
Val	Leu	Ser	Asp	Ser	Val	Pro	Ala	Lys	Gly	Ala	Lys	Ala	Asp	Leu	Pro	
			840						845					850		
ttt	gag	acc	gat	gat	acc	cgc	cca	agg	aaa	cat	gat	gcc	cgg	ggt	ata	16672
Phe	Glu	Thr	Asp	Asp	Thr	Arg	Pro	Arg	Lys	His	Asp	Ala	Arg	Gly	Ile	
			855					860					865			
aca	cct	cgc	gtc	cct	gga	cgt	tcg	tcg	ggg	ggc	aaa	cct	aga	gcg	ttt	16720
Thr	Pro	Arg	Val	Pro	Gly	Arg	Ser	Ser	Gly	Gly	Lys	Pro	Arg	Ala	Phe	
	870						875					880				
ttg	gcc	ctg	ccg	gga	aga	tcc	cac	gca	cca	gac	ccg	att	gag	gat	gac	16768
Leu	Ala	Leu	Pro	Gly	Arg	Ser	His	Ala	Pro	Asp	Pro	Ile	Glu	Asp	Asp	
	885					890					895					
agc	cca	gtg	gag	aaa	aag	cca	aag	agt	cgt	gag	ttt	gtt	tcg	tct	tca	16816
Ser	Pro	Val	Glu	Lys	Lys	Pro	Lys	Ser	Arg	Glu	Phe	Val	Ser	Ser	Ser	
900					905					910					915	
tcc	tct	tcc	tcg	tcg	tgg	gga	tcg	tca	tcg	gag	gat	gaa	gac	gat	gaa	16864
Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Trp	Gly	Ser	Ser	Ser	Glu	Asp	Glu	Asp	Asp	Glu	
				920					925					930		
ccc	cgg	cgc	gtt	tcg	gtg	gga	agt	gaa	act	aca	ggc	agc	agg	tcc	gga	16912
Pro	Arg	Arg	Val	Ser	Val	Gly	Ser	Glu	Thr	Thr	Gly	Ser	Arg	Ser	Gly	
			935					940					945			
cgc	gaa	cac	gcc	cct	tcc	ccg	tca	aat	tcg	gat	gat	tcg	gac	tca	aat	16960
Arg	Glu	His	Ala	Pro	Ser	Pro	Ser	Asn	Ser	Asp	Asp	Ser	Asp	Ser	Asn	
	950						955						960			

gat ggt ggg tcg acg aaa caa aat atc caa ccg gga tat cga tcc atc Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr Arg Ser Ile 965 970 975	17008
agc ggt ccc gat ccg agg att cgt aag acc aaa cgt ctt gcg ggg gaa Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu Ala Gly Glu 980 985 990 995	17056
ccg ggg cgc cag aga cag aaa tca ttt tcc ctg ccg cga tcc aga Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg Ser Arg 1000 1005 1010	17101
acc ccg ata att ccc ccg gtg tcg ggg ccg ctc atg atg ccc gac Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro Asp 1015 1020 1025	17146
gga agc cct tgg ccc gga tcg gca ccc ctc cca tcc aac agg gtg Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val 1030 1035 1040	17191
cgg ttt gga ccg tcc ggg gag acc aga gag ggt cac tgg gag gat Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp 1045 1050 1055	17236
gag gct gtg aga gcg gcg cgg gct cgt tac gag gcc tca acg gaa Glu Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu 1060 1065 1070	17281
ccc gtg ccg ctt tac gtg ccg gag ttg gga gat ccg gct aga cag Pro Val Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln 1075 1080 1085	17326
tac cgc gcg ctg att aac ctg atc tac tgt cca gac aga gac cct Tyr Arg Ala Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro 1090 1095 1100	17371
ata gca tgg ctc cag aac ccc aag ctg acc ggt gtc aac tcg gcc Ile Ala Trp Leu Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala 1105 1110 1115	17416
ctg aac cag ttc tac caa aag ctg ttg cca ccg gga cgg gcg ggt Leu Asn Gln Phe Tyr Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly 1120 1125 1130	17461
acc gcc gtt acg ggg agc gta gcg tct ccc gtt ccg cat gta ggc Thr Ala Val Thr Gly Ser Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly 1135 1140 1145	17506
gaa gcc atg gcc acg ggg gag gcc ctc tgg gct ctc ccc cac gcg	17551

Glu Ala Met Ala Thr	Gly Glu Ala Leu Trp	Ala Leu Pro His Ala	
1150	1155	1160	
gcc gcg gcc gtg gct	atg agc cgt cga tac	gac cgg gcc caa aaa	17596
Ala Ala Ala Val Ala	Met Ser Arg Arg Tyr	Asp Arg Ala Gln Lys	
1165	1170	1175	
cac ttt atc cta cag	agt ctc cgc aga gcc	ttt gcc agc atg gca	17641
His Phe Ile Leu Gln	Ser Leu Arg Arg Ala	Phe Ala Ser Met Ala	
1180	1185	1190	
tac ccc gag gca acg	ggc tcc agt ccg gcg	gcg cgg atc tcc cgc	17686
Tyr Pro Glu Ala Thr	Gly Ser Ser Pro Ala	Ala Arg Ile Ser Arg	
1195	1200	1205	
ggt cac cct tct cca	aca acc ccg gcc aca	cag gct ccc gac cct	17731
Gly His Pro Ser Pro	Thr Thr Pro Ala Thr	Gln Ala Pro Asp Pro	
1210	1215	1220	
cag ccg tcg gcc gcc	gca cgc tct ctt tct	gtg tgt cca ccg gat	17776
Gln Pro Ser Ala Ala	Ala Arg Ser Leu Ser	Val Cys Pro Pro Asp	
1225	1230	1235	
gat cgt tta cga act	ccg cgc aag cgc aag	tcc cag cca gtc gag	17821
Asp Arg Leu Arg Thr	Pro Arg Lys Arg Lys	Ser Gln Pro Val Glu	
1240	1245	1250	
agc aga agc ctc ctc	gac aag att agg gag	aca ccc gtc gcg gac	17866
Ser Arg Ser Leu Leu	Asp Lys Ile Arg Glu	Thr Pro Val Ala Asp	
1255	1260	1265	
gcc cgg gtt gca gac	gat cat gtg gtt tcc	aag gcc aag agg cgg	17911
Ala Arg Val Ala Asp	Asp His Val Val Ser	Lys Ala Lys Arg Arg	
1270	1275	1280	
gta tcc gag ccc gtg	acc atc acc tcg ggc	cct gtg gtg gat ccc	17956
Val Ser Glu Pro Val	Thr Ile Thr Ser Gly	Pro Val Val Asp Pro	
1285	1290	1295	
ccc gcc gta ata acg	atg cca ctt gac gga	ccg gcc cca aac ggg	18001
Pro Ala Val Ile Thr	Met Pro Leu Asp Gly	Pro Ala Pro Asn Gly	
1300	1305	1310	
gga ttt cgg cgt att	ccc cgg ggg gcc ctg	cat acc ccg gtc ccg	18046
Gly Phe Arg Arg Ile	Pro Arg Gly Ala Leu	His Thr Pro Val Pro	
1315	1320	1325	
tcg gac cag gct cgc	aag gcg tac tgt acc	ccc gaa acc atc gcc	18091
Ser Asp Gln Ala Arg	Lys Ala Tyr Cys Thr	Pro Glu Thr Ile Ala	
1330	1335	1340	

cgt ctg gtc gac gac	cca ttg ttt ccc acg	gcc tgg cgc cct gcg	18136
Arg Leu Val Asp Asp	Pro Leu Phe Pro Thr	Ala Trp Arg Pro Ala	
1345	1350	1355	
cta agc ttt gat ccc	ggc gcc ttg gcg gaa	atc gcc gct cgg cgt	18181
Leu Ser Phe Asp Pro	Gly Ala Leu Ala Glu	Ile Ala Ala Arg Arg	
1360	1365	1370	
ccg ggc gga gga gac	cga cgg ttt ggt cca	ccc agc gga gtg gag	18226
Pro Gly Gly Gly Asp	Arg Arg Phe Gly Pro	Pro Ser Gly Val Glu	
1375	1380	1385	
gcg ctg cga cgg agg	tgc gcc tgg atg cgg	cag atc cca gac ccg	18271
Ala Leu Arg Arg Arg	Cys Ala Trp Met Arg	Gln Ile Pro Asp Pro	
1390	1395	1400	
gag gat gtg agg ctt	ctg atc atc tac gat	ccg ttg ccc gga gag	18316
Glu Asp Val Arg Leu	Leu Ile Ile Tyr Asp	Pro Leu Pro Gly Glu	
1405	1410	1415	
gac atc aac ggc ccc	ctc gag agc acc ctc	gcg aca gat ccg gga	18361
Asp Ile Asn Gly Pro	Leu Glu Ser Thr Leu	Ala Thr Asp Pro Gly	
1420	1425	1430	
ccg tca tgg agt cca	tcc cga ggg gga ctg	tct gtg gtc ctg gca	18406
Pro Ser Trp Ser Pro	Ser Arg Gly Gly Leu	Ser Val Val Leu Ala	
1435	1440	1445	
gcc ctg agt aac cgg	ttg tgc ctg ccg agc	act cat gcc tgg gcc	18451
Ala Leu Ser Asn Arg	Leu Cys Leu Pro Ser	Thr His Ala Trp Ala	
1450	1455	1460	
ggg aac tgg acc ggc	ccg ccg gac gtg tcc	gct ttg aac gcc cgg	18496
Gly Asn Trp Thr Gly	Pro Pro Asp Val Ser	Ala Leu Asn Ala Arg	
1465	1470	1475	
ggc gtt tta tta ctg	tcg acc cga gac ctg	gcc ttt gcc ggg gcc	18541
Gly Val Leu Leu Leu	Ser Thr Arg Asp Leu	Ala Phe Ala Gly Ala	
1480	1485	1490	
gtc gag tat cta ggc	tcg cgg ttg gcc tct	gcc cgg cgc cgg ttg	18586
Val Glu Tyr Leu Gly	Ser Arg Leu Ala Ser	Ala Arg Arg Arg Leu	
1495	1500	1505	
ctg gtg ttg gac gcg	gtg gcc ctc gag agg	tgg ccc agg gat gga	18631
Leu Val Leu Asp Ala	Val Ala Leu Glu Arg	Trp Pro Arg Asp Gly	
1510	1515	1520	
ccc gct ttg tct cag	tat cac gtg tac gtc	cgg gcc ccg gcg cga	18676

Pro	Ala	Leu	Ser	Gln	Tyr	His	Val	Tyr	Val	Arg	Ala	Pro	Ala	Arg	
				1525					1530					1535	
ccg	gac	gcc	cag	gcc	gtc	gtc	cga	tgg	cca	gac	tcg	gcg	gtc	aca	18721
Pro	Asp	Ala	Gln	Ala	Val	Val	Arg	Trp	Pro	Asp	Ser	Ala	Val	Thr	
				1540					1545					1550	
gaa	gga	ctc	gcc	cgg	gcc	gtg	ttt	gca	tcg	tcg	cgc	acc	ttt	ggg	18766
Glu	Gly	Leu	Ala	Arg	Ala	Val	Phe	Ala	Ser	Ser	Arg	Thr	Phe	Gly	
				1555					1560					1565	
cca	gcg	agt	ttt	gct	cgt	atc	gag	act	gcg	ttt	gcc	aac	ctg	tac	18811
Pro	Ala	Ser	Phe	Ala	Arg	Ile	Glu	Thr	Ala	Phe	Ala	Asn	Leu	Tyr	
				1570					1575					1580	
ccg	ggc	gaa	caa	ccc	ctg	tgt	ttg	tgc	cgc	ggc	ggg	aac	gtc	gca	18856
Pro	Gly	Glu	Gln	Pro	Leu	Cys	Leu	Cys	Arg	Gly	Gly	Asn	Val	Ala	
				1585					1590					1595	
tac	acc	gtg	tgt	acc	cgc	gcg	ggc	ccc	aag	acc	cgc	gtc	ccc	ctg	18901
Tyr	Thr	Val	Cys	Thr	Arg	Ala	Gly	Pro	Lys	Thr	Arg	Val	Pro	Leu	
				1600					1605					1610	
tcg	ccc	cgt	gaa	tac	cgg	cag	tac	gtg	ctg	ccg	ggc	ttt	gac	ggc	18946
Ser	Pro	Arg	Glu	Tyr	Arg	Gln	Tyr	Val	Leu	Pro	Gly	Phe	Asp	Gly	
				1615					1620					1625	
tgc	aag	gac	ctc	gcg	cga	cag	tct	cgg	ggc	ctg	ggg	ctc	ggg	gca	18991
Cys	Lys	Asp	Leu	Ala	Arg	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Gly	Leu	Gly	Ala	
				1630					1635					1640	
gcc	gac	ttt	gtg	gac	gag	gcg	gca	cat	agc	cac	cgc	gca	gca	aac	19036
Ala	Asp	Phe	Val	Asp	Glu	Ala	Ala	His	Ser	His	Arg	Ala	Ala	Asn	
				1645					1650					1655	
cga	tgg	ggc	ctg	ggc	gcc	gcg	ctt	cga	ccc	gtc	ttc	ctt	ccc	gag	19081
Arg	Trp	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	Leu	Arg	Pro	Val	Phe	Leu	Pro	Glu	
				1660					1665					1670	
gga	cgg	aga	ccg	ggg	gcc	gcc	ggg	ccg	gag	gcc	ggc	gac	gta	ccc	19126
Gly	Arg	Arg	Pro	Gly	Ala	Ala	Gly	Pro	Glu	Ala	Gly	Asp	Val	Pro	
				1675					1680					1685	
acc	tgg	gcg	agg	gtg	ttt	tgc	cgc	cac	gcc	ctg	ctg	gaa	ccc	gac	19171
Thr	Trp	Ala	Arg	Val	Phe	Cys	Arg	His	Ala	Leu	Leu	Glu	Pro	Asp	
				1690					1695					1700	
cct	gcc	gca	gaa	cca	ctc	gtg	ctt	cca	ccc	gtg	gcc	ggc	cgg	tcg	19216
Pro	Ala	Ala	Glu	Pro	Leu	Val	Leu	Pro	Pro	Val	Ala	Gly	Arg	Ser	
				1705					1710					1715	



gtg gcg ctg tat gcg	tcg gcg gac gag gct	cgg aat gcc ctc ccc	19261
Val Ala Leu Tyr Ala	Ser Ala Asp Glu Ala	Arg Asn Ala Leu Pro	
1720	1725	1730	
ccg att ccc aga gta	atg tgg ccg ccc ggt	ttt ggg gcc gcg gag	19306
Pro Ile Pro Arg Val	Met Trp Pro Pro Gly	Phe Gly Ala Ala Glu	
1735	1740	1745	
acg gtg ttg gag ggg	agc gac gga aca cgg	ttc gtg ttc gga cac	19351
Thr Val Leu Glu Gly	Ser Asp Gly Thr Arg	Phe Val Phe Gly His	
1750	1755	1760	
cac ggg ggc tcg gaa	cgg ccg tca gaa acc	cag gcg ggg cga cag	19396
His Gly Gly Ser Glu	Arg Pro Ser Glu Thr	Gln Ala Gly Arg Gln	
1765	1770	1775	
cgg cgc acc gca gac	gac aga gaa cac gct	ttg gag ctg gac gat	19441
Arg Arg Thr Ala Asp	Asp Arg Glu His Ala	Leu Glu Leu Asp Asp	
1780	1785	1790	
tgg gag gtg ggg tgt	gaa gac gcg tgg gac	agc gag gag ggg ggc	19486
Trp Glu Val Gly Cys	Glu Asp Ala Trp Asp	Ser Glu Glu Gly Gly	
1795	1800	1805	
ggg gac gac ggg gac	gca ccg ggg tca tcc	ttt ggg gtg agc atc	19531
Gly Asp Asp Gly Asp	Ala Pro Gly Ser Ser	Phe Gly Val Ser Ile	
1810	1815	1820	
gtg tcg gtg gcc ccg	ggt gtg ctg cga gac	cgc cgg gtg ggt ttg	19576
Val Ser Val Ala Pro	Gly Val Leu Arg Asp	Arg Arg Val Gly Leu	
1825	1830	1835	
cgc ccg gcg gtc aag	gtg gag ctg ttg tcc	tcg tcc tcg tcc tcc	19621
Arg Pro Ala Val Lys	Val Glu Leu Leu Ser	Ser Ser Ser Ser Ser	
1840	1845	1850	
gag gac gag gac gat	gtg tgg gga ggg cgc	ggg ggg agg agc ccc	19666
Glu Asp Glu Asp Asp	Val Trp Gly Gly Arg	Gly Gly Arg Ser Pro	
1855	1860	1865	
ccg cag agt cgg ggg	tga cggagtcgcc	tcctttttctc gtgagcgcca	19714
Pro Gln Ser Arg Gly			
1870			
ctggcgcgcg gactgtttgt	tgtaataaaa agcggaacgg	tttttatgaa aaaagtgtct	19774
gtctgtctgt gcgggcgggc	gacgggcggg ctggtcggac	ccccccccga aaataacccc	19834
cccccggttt ctgggcgccc	ggcggacccc gggagaggag	gccagccctc tcgcggccccc	19894

ctcgagagag aaaaaaaaaa gcgaccccccac ctccccgcgc gtttgcgggg cgaccatcgg 19954

gggggacttg cattacccta tcccagtatt gtttgtacgc ctctaattgga gtaactgtcc 20014

caatacaccc gacttcctat atacagtgtt tttgtttgtg gacttacctt tatttacggg 20074

tattacaggg ggggtggagaa atgtcttcgt atcgctcttt atctaaataa agacagaatc 20134

taaaatgtca cttagctgta taccggggcc aaggttatac caatcaactt ccctgtttgt 20194

tgggactgtc cgcctacccc aatacacatt ttataccac gttttagtgg gtgggactta 20254

aaagaaatgg gtggagggat ataggggtgt gtcttcgttg gtaccaatta taaaaatgta 20314

ctcgccacaa ctcaaatat agaacgcatg gcagttctgc tacgtgtttg gatgcccggg 20374

cattagaata cagccagttg ttacc atg gat acc ata tta gcg ggc ggt agc 20426  
Met Asp Thr Ile Leu Ala Gly Gly Ser  
1875

ggc acc tcc gac gct tcg gat aat acc tgc acc ata tgc atg agc 20471  
Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asp Asn Thr Cys Thr Ile Cys Met Ser  
1880 1885 1890

acc gtt tcc gat ctc gga aaa acc atg ccg tgt ttg cac gac ttc 20516  
Thr Val Ser Asp Leu Gly Lys Thr Met Pro Cys Leu His Asp Phe  
1895 1900 1905

tgc ttt gtt tgt att cgg gca tgg acc tcc acc agc gtc cag tgt 20561  
Cys Phe Val Cys Ile Arg Ala Trp Thr Ser Thr Ser Val Gln Cys  
1910 1915 1920

cct ctc tgc cgg tgt cca gtg caa tcc atc ctg cat aag atc gta 20606  
Pro Leu Cys Arg Cys Pro Val Gln Ser Ile Leu His Lys Ile Val  
1925 1930 1935

agt gat aca agt tac aag gaa tat gaa gtg cac cca tcc gac gac 20651  
Ser Asp Thr Ser Tyr Lys Glu Tyr Glu Val His Pro Ser Asp Asp  
1940 1945 1950

gat ggt ttt tct gag ccg tca ttt gaa gat tcc atc gac atc cta 20696  
Asp Gly Phe Ser Glu Pro Ser Phe Glu Asp Ser Ile Asp Ile Leu  
1955 1960 1965

ccg gga gat gtc ata gat ctt ctg cca cca agc cca gga ccg agt 20741  
Pro Gly Asp Val Ile Asp Leu Leu Pro Pro Ser Pro Gly Pro Ser  
1970 1975 1980

cgg gag tcc atc caa cag cca aca tca aga tcg agt cgg gag ccc 20786

Arg 1985	Glu	Ser	Ile	Gln	Gln 1990	Pro	Thr	Ser	Arg	Ser 1995	Ser	Arg	Glu	Pro	
att	caa	tca	cca	aac	cct	ggg	ccc	ctt	caa	tcg	tcg	gct	aga	gag	20831
Ile 2000	Gln	Ser	Pro	Asn	Pro 2005	Gly	Pro	Leu	Gln	Ser 2010	Ser	Ala	Arg	Glu	
ccc 2015	aca	gca	gag	tca	cca 2020	agt	gac	tct	caa	cag 2025	gat	tct	ata	caa	
Pro	Thr	Ala	Glu	Ser	Pro	Ser	Asp	Ser	Gln	Gln	Asp	Ser	Ile	Gln	20876
cca 2030	ccg	acc	cga	gac	tcg 2035	agc	cct	ggt	gta	acc 2040	aaa	aca	tgc	tct	
Pro	Pro	Thr	Arg	Asp	Ser	Ser	Pro	Gly	Val	Thr	Lys	Thr	Cys	Ser	20921
acc 2045	gca	tca	ttt	tta	cgg 2050	aag	gta	ttt	ttt	aaa 2055	gac	caa	cct	gct	
Thr	Ala	Ser	Phe	Leu	Arg	Lys	Val	Phe	Phe	Lys	Asp	Gln	Pro	Ala	20966
gtt 2060	cga	tcg	gcg	acc	ccg 2065	gtg	gtg	tat	ggc	tcg 2070	att	gaa	tct	gca	
Val	Arg	Ser	Ala	Thr	Pro	Val	Val	Tyr	Gly	Ser	Ile	Glu	Ser	Ala	21011
cag 2075	caa	ccc	cgg	acc	ggg 2080	ggg	cag	gac	tac	cgt 2085	gat	cgt	cca	gta	
Gln	Gln	Pro	Arg	Thr	Gly	Gly	Gln	Asp	Tyr	Arg	Asp	Arg	Pro	Val	21056
tct 2090	gtg	gga	att	aat	caa 2095	gac	cca	cga	acc	atg 2100	gac	aga	ctg	cct	
Ser	Val	Gly	Ile	Asn	Gln	Asp	Pro	Arg	Thr	Met	Asp	Arg	Leu	Pro	21101
ttt 2105	cga	gcc	acg	gat	aga 2110	gga	aca	gag	gga	aac 2115	gcg	aga	ttc	ccg	
Phe	Arg	Ala	Thr	Asp	Arg	Gly	Thr	Glu	Gly	Asn	Ala	Arg	Phe	Pro	21146
tgt 2120	tac	atg	caa	cct	tta 2125	ctc	gga	tgg	ctt	gat 2130	gat	caa	ctt	gcg	
Cys	Tyr	Met	Gln	Pro	Leu	Leu	Gly	Trp	Leu	Asp	Asp	Gln	Leu	Ala	21191
gaa 2135	ctg	tat	caa	ccc	gaa 2140	att	gta	gag	cct	aca 2145	aaa	atg	ttg	ata	
Glu	Leu	Tyr	Gln	Pro	Glu	Ile	Val	Glu	Pro	Thr	Lys	Met	Leu	Ile	21236
tta 2150	aac	tat	ata	ggt	att 2155	tac	ggg	cgt	gat	gag 2160	gcg	gga	tta	aaa	
Leu	Asn	Tyr	Ile	Gly	Ile	Tyr	Gly	Arg	Asp	Glu	Ala	Gly	Leu	Lys	21281
aca 2165	tcc	ctg	cgt	tgt	ctt 2170	ttg	cat	gat	tca	aca 2175	gga	ccg	ttt	gta	
Thr	Ser	Leu	Arg	Cys	Leu	Leu	His	Asp	Ser	Thr	Gly	Pro	Phe	Val	21326

aca aac atg tta ttc ttg ttg gat cga tgt acc gat cca acc cgc 21371  
 Thr Asn Met Leu Phe Leu Leu Asp Arg Cys Thr Asp Pro Thr Arg  
 2180 2185 2190

cta acc atg caa acc tgg acc tgg aaa gat aca gcc atc caa cta 21416  
 Leu Thr Met Gln Thr Trp Thr Trp Lys Asp Thr Ala Ile Gln Leu  
 2195 2200 2205

att aca ggt cca att gta aga cca gaa acc acc tca acc ggg gag 21461  
 Ile Thr Gly Pro Ile Val Arg Pro Glu Thr Thr Ser Thr Gly Glu  
 2210 2215 2220

acc tct cgt ggc gat gaa agg gat acc cga ttg gta aat aca ccc 21506  
 Thr Ser Arg Gly Asp Glu Arg Asp Thr Arg Leu Val Asn Thr Pro  
 2225 2230 2235

caa aaa gtc agg ctt ttt tct gtg tta ccg ggg att aaa ccg gga 21551  
 Gln Lys Val Arg Leu Phe Ser Val Leu Pro Gly Ile Lys Pro Gly  
 2240 2245 2250

agc gca agg ggt gct aag cgc cgt tta ttt cat acc ggc aga gac 21596  
 Ser Ala Arg Gly Ala Lys Arg Arg Leu Phe His Thr Gly Arg Asp  
 2255 2260 2265

gtt aaa cga tgc tta aca ata gac ctg aca tct gag tct gat tcg 21641  
 Val Lys Arg Cys Leu Thr Ile Asp Leu Thr Ser Glu Ser Asp Ser  
 2270 2275 2280

gca tgt aag gga agt aaa acc cgc aaa gtt gcc tct cca cag ggg 21686  
 Ala Cys Lys Gly Ser Lys Thr Arg Lys Val Ala Ser Pro Gln Gly  
 2285 2290 2295

gag tcc aat acc ccc tcc acc tcc gga tca aca tca ggt tca ctg 21731  
 Glu Ser Asn Thr Pro Ser Thr Ser Gly Ser Thr Ser Gly Ser Leu  
 2300 2305 2310

aaa cac ctt acc aaa aaa agc tct gcc ggt aaa gcg ggt aaa ggt 21776  
 Lys His Leu Thr Lys Lys Ser Ser Ala Gly Lys Ala Gly Lys Gly  
 2315 2320 2325

att cca aac aag atg aag aag tcc tag tttgttggga gggggaagga 21823  
 Ile Pro Asn Lys Met Lys Lys Ser  
 2330 2335

aatgccttaa acatccacag tctgctttat taccaactgt atgtaaatta tgatcattaa 21883

acgtgcattt taaaaatacc tgagtgttgc tattggctcgt aagggttggt atatctggaa 21943

cccaaggtgt aaatactgcc ccctggtaag tccgtacacg attcggaatg cccgcaatcc 22003

ggtctcggag taaccggggc atcctgctct gcaaatacaa taaacataac agtctaacag 22063  
tacgcatgtg ctgtcgtaag cgctccgccc taaattacaa aaatttgaga ttacgctcaa 22123  
tacttgtcac cgtttgtatt tatacacctc tacgggagca aactaaaggt atacttggag 22183  
atgcaaccaa ggccgagttg agacgggaaa attagaagct gtttttccag cggcaaaaat 22243  
catccggttt gggtatgtct tatagcaatt aaagttatta aaatggccgg aaggtggcgg 22303  
gggtggtgaa ggcgagggtg aagcaaacctt gcgggggggat aaaaggcata tatgttacia 22363  
aatacgcacg caaatataaa ttttagtttt gtacttacag taaaggcaac ggtgttttcg 22423  
gtttaggcag ccggaccctg ttaaaatgcc aactggatag tctgcaagga ggaaacgctg 22483  
ctgcaatgag tcaggttttt aggtgaatta ggtatgatgc atcatttttg ttaatggact 22543  
tttaatggat tgaaacggat agaaggaaac gtgtagcata atggatatg gttgatattt 22603  
taagcacgct gccaaagtac cactaagaat gcttagaat atttaaactg aaatgcgtgg 22663  
gtttggcaaa cgttaccgta aatcaatctc agatccaagg gataatggcc gttgggcagg 22723  
cctccaaaag gcaatttgag cgttttaagt ttgggggtacg tttttaagc ttgattggca 22783  
aacgttaccg caaatcaatc ttagatccaa gggataatgg ccgttgggca ggcctccaaa 22843  
aggcaatttg agcgttttca gtccgcttga aaacgggtcta agtatttgcc gtaaagacc 22903  
gcgagaggta taatataaac atctgttttc ccgatgacgt gttaagaaaa gtgattatat 22963  
cagataacgg gggactgtaa agcttaatac gtgacatgtg attgggtgta taaatactac 23023  
atccaaatct tgcattgaaa ttcgctttgt cggcacgccg tgacgtttga catattaaga 23083  
tcgccctttt taggaaaatg agatatgaca ccaagagttt aactaaaggc caactgtata 23143  
tataaaactc atacttgtcc atgcttccat tagagtggtc aagtttttca aaggatacga 23203  
caacgtcgta gtgaaggga aacacaagcg tcatggcatc acataaatgg ttactgcaga 23263  
tagttttttt aaaaactatc acaatcgcgt attgtcttca tctccaagac gacactccgt 23323  
tgtttttttg agccaaaccg ctatcggtat tgagtttgat tataacggaa ccgtgcgtgt 23383  
catcggtata tgaggcgtgg gactatgcgg caccctccgt atcaaactc agcgaggcgc 23443  
tatcgggaat cgtggttaag acaaaatgtc cagtaccgga agttatactt tggttttaaag 23503



出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

His	Ala	His	Gly	Leu	Ala	Phe	Ser	Val	Lys	Arg	Gly	Ile	Thr	Pro	
			2495					2500					2505		
ccg	tct	agt	ctt	aaa	aat	att	ttt	gcg	gcc	ctc	atg	gaa	tca	tac	24217
Pro	Ser	Ser	Leu	Lys	Asn	Ile	Phe	Ala	Ala	Leu	Met	Glu	Ser	Tyr	
			2510					2515					2520		
cca	aat	atg	act	ccg	ccc	act	cac	gga	tgc	ctg	gag	agt	tgg	gca	24262
Pro	Asn	Met	Thr	Pro	Pro	Thr	His	Gly	Cys	Leu	Glu	Ser	Trp	Ala	
			2525					2530					2535		
agg	cag	ggg	gtg	tta	ttg	ctg	aat	acc	acg	ctt	acg	gtt	cgt	cgc	24307
Arg	Gln	Gly	Val	Leu	Leu	Leu	Asn	Thr	Thr	Leu	Thr	Val	Arg	Arg	
			2540					2545					2550		
ggg	act	ccg	ggg	tcg	cat	gta	tac	tta	ggc	tgg	ggg	cgg	ctg	gtg	24352
Gly	Thr	Pro	Gly	Ser	His	Val	Tyr	Leu	Gly	Trp	Gly	Arg	Leu	Val	
			2555					2560					2565		
caa	cgc	gtg	cta	cag	agg	tta	tgc	gag	aac	cgt	aca	ggg	tta	gtt	24397
Gln	Arg	Val	Leu	Gln	Arg	Leu	Cys	Glu	Asn	Arg	Thr	Gly	Leu	Val	
			2570					2575					2580		
ttt	atg	ctg	tgg	ggt	gcg	cat	gca	cag	aag	aca	acc	caa	ccg	aat	24442
Phe	Met	Leu	Trp	Gly	Ala	His	Ala	Gln	Lys	Thr	Thr	Gln	Pro	Asn	
			2585					2590					2595		
tca	aga	tgt	cat	ctg	gtg	cta	aca	cac	gcg	cat	ccg	tcg	cca	ttg	24487
Ser	Arg	Cys	His	Leu	Val	Leu	Thr	His	Ala	His	Pro	Ser	Pro	Leu	
			2600					2605					2610		
tcc	cgt	gtt	cca	ttt	cgg	aat	tgt	cga	cat	ttc	gtt	caa	gcc	aat	24532
Ser	Arg	Val	Pro	Phe	Arg	Asn	Cys	Arg	His	Phe	Val	Gln	Ala	Asn	
			2615					2620					2625		
gag	tat	ttt	acg	cgt	aaa	ggc	gaa	ccc	gag	atc	gat	tgg	agt	gtt	24577
Glu	Tyr	Phe	Thr	Arg	Lys	Gly	Glu	Pro	Glu	Ile	Asp	Trp	Ser	Val	
			2630					2635					2640		
ata	taa	cactccaatc	gaccctcttg	cgtaccataa	tgttttcgga	gttgcctcct									24633
Ile															
tccgtaccga	cggcattgct	tcaatgggggt	tggggattgc	atcgtggacc	gtgttcgac										24693
ccaaatttta	aacaggtagc	cagccaacac	agtgttcaga	acgattttac	agaaaatagc										24753
gttgatgcaa	atgaaaaatt	tccgattggg	cacgcgggct	gtattgagaa	aaccaaagac										24813
gactatgtac	catttgatac	gttgttcatg	gtatcatcta	ttgacgaact	tgggcggaga										24873

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

gatgaaaagt cagtagaaca gtctatgggt agcagggtca ctgtatgggt gtgttgaagg 25994  
acgatcatac caccgctcat tgtatcacat cgagcgtccg tcttcaccgc cattgatctt 26054  
gacccacccg taaatgcgta gagtgtttgt tcatgatccg gtaaagtcca gtgaagaacc 26114  
cgcctaacc catgtaacct atataaaata aacgtcgttg ggggtccaga gatgctcatg 26174  
gcgggtgtat ttaagacaaa acctagaaat gagaacagca agcccgcattg cgtgttttta 26234  
tacaatgctt taatacacia cgtgtacgtt gggatcacgt agagcggcaa gaatgtgatc 26294  
gctaatttct gcggattttt catatcggtc ccgtagaggg tttagattca tttttaagaa 26354  
cctagaggag accgtacgcg acatggcaac atacacacta tttaggcgca gtttatccgc 26414  
cgtaaaacag atagctacct tctctaaact cagaccctgt gagcgtgcaa ttgtcatggc 26474  
tagtttagaa ctaaggccat agtccaccgt ggtggccatt gccaattctg catcctctat 26534  
agactcggta aattcacata cgtagcgtt tacgatggac acaaaccat gttgatcctg 26594  
taagaccata agaggtagct gtagagcata taacatttcg gtagtttcgc ggtacagctt 26654  
ttttcgggtc agttcctcta caaagactgg cacgggtgca aaagtatacc ccaaagggt 26714  
atacgtatct gtttgtaatg ccaaagataa cagccccccc cgcacattgc cgatcaaaag 26774  
ctcgcttccg ttgaaattaa cattatcgac atacgcgcta aagggggcgg ttgtaaagct 26834  
gctttcgaaa agctctgcta atatggcata tcgaccatcg taaatagctt tcattaacag 26894  
aaactgagca tggacctcat tggatgattt gggataggaa aattcgtact ggcagtatac 26954  
caagtcaata acctcgtcgt taagtgccgt aaaaattaca tcatccgggt cttcgggtat 27014  
ggaggccgtt actttggact cgggggcttt ggtaaagcag aaggctttat cggcagaagt 27074  
agctgcacca tcacagtcaa tcccggcacc cgccccatta accgctgctt cgtgtaaggg 27134  
ggctttgttt gttccagaca ataactccag ggttaaggca gctaaccgtt tgtatgctaa 27194  
cgatacctta tcgggatgta ggtttttatt taacaaaaaa ttgtaaaagt taatcaagcc 27254  
tccaaagatt aggtttgaca gaaaccggta agcatattcg atggatgtct ctctcgagc 27314  
cttcacaaag gagtcgtcac gtaaaacctt tgcaaacgat tgaaatgtac cactgaatcc 27374  
aataactaac ttacgtagtc ttgtggttac aactacgaga ctatttagca cgtaagtgat 27434

gtctgtacgg gctacaatta agtcgcgatt tgaatgtgtt tcgtatttaa ctgttcccat 27494  
gtcatgatct cggctttggg aataattgtg caaacgaccg gagtttgccc gtatccaatg 27554  
ttcaacagaa agtccgggtt gtcccgttaa tttgcggtat tcatcaaatg ccgttagccg 27614  
gatgaatgta taagtcggta aggcaaacac agaaaaatgg tcatttttcg atagttttta 27674  
atgcgcgtgt aacttactca tatacgcgct cacctcctta tgcgacgaat acagacgcgt 27734  
ccatccggga agattagcag gattgttaat ataggatgca ggtacaacaa atgtatcgac 27794  
cagacgcgca tgtgcttcgg taataggtag cccgtactca agcgttttta aaagatttcc 27854  
aaaatcgtcc tcttgacatc gtttgttatt aataaagatt gccagttat gtgagatgtt 27914  
agtatatga cgcagagttt gattgcagat tatatacgtg agtatatttt cactaggagt 27974  
tacgtgtgaa cgctgcatgt catgttgaaa atgagattct aacgagtcag tttgggtggg 28034  
cgaaccgacg catactatga ccggttttcg accgtttatg tactgagggc tttgatatat 28094  
agcattcaaa agccaccaac agtaaacaac ggccgtgaga atatgacgcc ctagcaatcc 28154  
tgcttcatca ataacaataa cgttgctccg ggtaaaagcc ggaagggaac cgcattgcgat 28214  
aaacgcggtt ccggacattg agcctgtagg tttattaagc aaacgttcaa ttgcccacag 28274  
ggttttaaat gtcgatgttc ctccgcgacc gtcgtcccc atttgaaaca ctcgttttgt 28334  
tatatcaatt aaaacttccc agtagtatac aatatctctt ttttgcaggt cctcaataga 28394  
aggggggggtc gtagtccagt tatatgcgta acggcccagc tgagcctgaa tgtgatttcc 28454  
gcgaaaacca aattcatgaa agattgtgtt tatcggacga ctgcgataag ccgttgataa 28514  
cttagcatga acattttggg cagcaaccct ggtggatccg gtaataatgc aatcgatagc 28574  
ttcgттаааgс gtttgгatac acgtgctttt tccggagccg gcatttccgc taattaaata 28634  
aacggagaag gggagctcat tcctctgcat ttcaggaggc gcttgcagtt cgagtaactg 28694  
tttaaaccaa cacaaccgcg gaacacgttc ttttggaatc gtaattgcgg caagttctcg 28754  
aatccgtgag aggatagggt gaatgctatg catagagggt aagtttaaat atacactgtc 28814  
atcaaatcca ttgggcgtct ctggattaaa aacgtttttg ggtgaagaac tgtctacaga 28874  
aattgatctt ttcattcgtgg ttttcaatgg ccgaaataac gtctcttttt aataacagtt 28934



ccggtagtga agaaaaaagg atagcaagtt ctgttttctat tgaccagggc ttgaatggaa 28994  
gtaacccaaa tgaccaatac aagaacatgt tcgatatata ctggaatgag tacgccccgg 29054  
atatagggtt ttgtacattt ccggaggaag atggctggat gttaatacac ccaaccacgc 29114  
aaagtatgtt gtttcgaaaa atcctagccg gtgactttgg atataccgat ggacaaggca 29174  
tatatagcgc tgtacggtct acggaaactg taattcgcca agttcaggca accgttttga 29234  
tgaacgcgtt ggatgcaact cggatatgagg acctagcagc agattgggaa caccacatcc 29294  
aacaatgtaa cctgcatgcc ggggctctag cggaacgtta tgggctatgt ggagaatcag 29354  
aagccgtacg gcttgcacat caggtttttg aaacctggcg tcaaacatta cagtcacgt 29414  
tacttgagtt tctgcgtgga ataaccggtt gtctctatac cagtggttta aatggaaggg 29474  
tcggttttgc caaatacgtg gactggatag cctgtgtagg tattgtgccc gttgtaagaa 29534  
aggtacgac agaacagaat ggaacccctg caccattaaa tacgtatatg ggtcaagcgg 29594  
cagaactgtc ccagatgtta aaagttgccg atgcaacgtt ggccagagga gcggcggttg 29654  
tcacaagcct agttgagtgt atgcaaaatg ttgctattat ggattatgat aggacgcgtc 29714  
tttattataa ttataaccga agattaatta tggcaaagga tgatgtaacg ggcatgaagg 29774  
gagagtgttt ggtcgtgtgg ccgcccgttg tatgtgggga ggggtgtagta tttgactcac 29834  
ccttacagcg gctttctggg gaggtgttgg cctgttatgc attacgtgaa catgctcgcg 29894  
tctgccaagt tttaaataca gcccttttgc gcgtgttaat aggtcgccgg aatgaagatg 29954  
atagatctca cagcacacgt gcggttgatc gtataatggg cgagaacgat acaacacggg 30014  
ctggatcggc cgcttctaga cttgtaaagc taatagttaa cttaaaaaac atgagacatg 30074  
ttggagatat taccgaaacc gtacgttcct atctagaaga aacgggcaat cacattctgg 30134  
aaggaagtgg atcgggtggac acatcacaac cggggtttgg caaggccaac caatccttta 30194  
acgggggggc aatgtccgga acaacaaacg ttcaaagtgc gtttaaaact tcggtggtta 30254  
acagtatcaa cggcatgctc gagggttatg tgaataattt attcaaaacc attgagggtc 30314  
tcaaggatgt gaacagcgat ctgaccgaaa ggctccagtt caaagaagga gagctgaaac 30374  
ggttacggga agagagggtta aaaataaagc catctaaagg gtcacatatt acaatggcag 30434

aagaaacacg tattgccgat ttaaatacacg aggttataga tcttaccggc ataatagggg 30494  
atgatgcata tattgccaat agttttcaat ctcgttatat ccccccttat ggagatgata 30554  
taaaacgttt gtctgagcta tggaacacagg aacttggtcg ctgttttaag cttcaccggg 30614  
taaacaataa tcaaggccag gaaatttctg tatcatattc aaatgcgtca atctcattac 30674  
tagttgcgcc gtatttttca ttcataattac gggccacccg attaggattc ttggtaactc 30734  
aaagcgaggt acatagggtca gaggaagagt tatgccaggc tattttttaa aaggcgagaa 30794  
cagagtccta tttatcccaa atccgaatat tatatgaaat gcaggttcgc gcagaggtaa 30854  
taaaacgggg ccacaggaga acaccaagtc cttcctgggg ttgcctgac cctacagaag 30914  
atgacgaaag aatcccggaa cccaataaaa taaataacca atacatgcat gttggatata 30974  
aaaacctatc ccattttatg aaaggacacc cccctgagag gttacgggta cacaaggtaa 31034  
  
atg cag cgg att cga cct tac tgg ata aaa ttc gag caa acc gga 31079  
Met Gln Arg Ile Arg Pro Tyr Trp Ile Lys Phe Glu Gln Thr Gly  
2715 2720 2725  
  
ggc gcg ggg atg gcc gat ggg atg tcc gga ata aat ata ccc agc 31124  
Gly Ala Gly Met Ala Asp Gly Met Ser Gly Ile Asn Ile Pro Ser  
2730 2735 2740  
  
att tta ggt tgc agc gta acg atc gac aac tta cta aca cga gcc 31169  
Ile Leu Gly Cys Ser Val Thr Ile Asp Asn Leu Leu Thr Arg Ala  
2745 2750 2755  
  
gaa gag ggg ttg gat gtg agc gac gtg atc gaa gat ctt aga ata 31214  
Glu Glu Gly Leu Asp Val Ser Asp Val Ile Glu Asp Leu Arg Ile  
2760 2765 2770  
  
caa gca ata cca aga ttc gta tgc gag gcg cgg gag gta acc ggt 31259  
Gln Ala Ile Pro Arg Phe Val Cys Glu Ala Arg Glu Val Thr Gly  
2775 2780 2785  
  
ttg aag cca cgc ttt ttg gca aac tct gtt gta tca ctg cgc gta 31304  
Leu Lys Pro Arg Phe Leu Ala Asn Ser Val Val Ser Leu Arg Val  
2790 2795 2800  
  
aaa ccg gaa cac caa gag acc gtt tta gta gtg ttg aat ggt gat 31349  
Lys Pro Glu His Gln Glu Thr Val Leu Val Val Leu Asn Gly Asp  
2805 2810 2815  
  
tca agt gag gtg tcc tgt gat cgt tac tac atg gag tgt gtt act 31394

Ser 2820	Ser	Glu	Val	Ser	Cys	Asp 2825	Arg	Tyr	Tyr	Met	Glu 2830	Cys	Val	Thr	
caa	cca	gcg	ttc	cgc	gga	ttt	att	ttt	tcc	gta	tta	act	gcg	gtt	31439
Gln	Pro	Ala	Phe	Arg	Gly	Phe 2840	Ile	Phe	Ser	Val	Leu 2845	Thr	Ala	Val	
gaa	gat	agg	gtg	tat	acg	gtg	ggg	gtg	cct	ccg	cgc	ctg	tta	atc	31484
Glu	Asp	Arg	Val	Tyr	Thr	Val 2855	Gly	Val	Pro	Pro	Arg 2860	Leu	Leu	Ile	
tat	cgg	atg	act	cta	ttc	cgc	ccg	gat	aat	gtc	cta	gat	ttt	acc	31529
Tyr	Arg	Met	Thr	Leu	Phe	Arg 2870	Pro	Asp	Asn	Val	Leu 2875	Asp	Phe	Thr	
tta	tgt	gtt	att	tta	atg	tat	ctg	gaa	ggc	att	ggg	ccc	tcc	ggg	31574
Leu	Cys	Val	Ile	Leu	Met	Tyr 2885	Leu	Glu	Gly	Ile	Gly 2890	Pro	Ser	Gly	
gca	tct	cca	tcg	ctg	ttt	gta	caa	ttg	tct	gta	tat	ctt	aga	cgc	31619
Ala	Ser	Pro	Ser	Leu	Phe	Val 2900	Gln	Leu	Ser	Val	Tyr 2905	Leu	Arg	Arg	
gtt	gag	tgt	caa	ata	gga	cct	ttg	gaa	aaa	atg	cgt	cgg	ttt	tta	31664
Val	Glu	Cys	Gln	Ile	Gly	Pro 2915	Leu	Glu	Lys	Met	Arg 2920	Arg	Phe	Leu	
tat	gag	gga	gtt	tta	tgg	ttg	tta	aac	act	cta	atg	tat	gtc	gtt	31709
Tyr	Glu	Gly	Val	Leu	Trp	Leu 2930	Leu	Asn	Thr	Leu	Met 2935	Tyr	Val	Val	
gat	aac	aac	ccc	ttt	aca	aaa	acc	cgc	gta	ttg	ccg	cat	tat	atg	31754
Asp	Asn	Asn	Pro	Phe	Thr	Lys 2945	Thr	Arg	Val	Leu	Pro 2950	His	Tyr	Met	
ttt	gtt	aag	tta	ctg	aac	cct	cag	cct	gga	acg	gcc	ccc	aat	att	31799
Phe	Val	Lys	Leu	Leu	Asn	Pro 2960	Gln	Pro	Gly	Thr	Ala 2965	Pro	Asn	Ile	
ata	aag	gct	ata	tat	tca	tgt	ggg	gtg	ggt	cag	cgt	ttt	gac	ctg	31844
Ile	Lys	Ala	Ile	Tyr	Ser	Cys 2975	Gly	Val	Gly	Gln	Arg 2980	Phe	Asp	Leu	
ccc	cac	gga	acc	ccc	ccc	tgt	cca	gat	ggt	gtg	gtg	caa	gta	ccc	31889
Pro	His	Gly	Thr	Pro	Pro	Cys 2990	Pro	Asp	Gly	Val	Val 2995	Gln	Val	Pro	
ccg	gga	ttg	tta	aat	gga	cct	tta	cga	gat	tcg	gaa	tat	cag	aag	31934
Pro	Gly	Leu	Leu	Asn	Gly	Pro 3005	Leu	Arg	Asp	Ser	Glu 3010	Tyr	Gln	Lys	

agc gta tat ttt tgg tgg tta aat cgc acc atg gta aca ccg aaa 31979  
Ser Val Tyr Phe Trp Trp Leu Asn Arg Thr Met Val Thr Pro Lys  
3015 3020 3025

aat gtt cag tta ttt gaa acg tat aaa aat tca cca cgg gtt gta 32024  
Asn Val Gln Leu Phe Glu Thr Tyr Lys Asn Ser Pro Arg Val Val  
3030 3035 3040

aag taa ataaaccttt tattttaagg atgggttggt gcggcgtggt tttttgtcat 32080  
Lys

aaaaacaaga agttatatga agcaagggga tcgtcagtaa atttcaatga tggacttgaa 32140

aatcattat gagcatctag aagatgggta ataatagtga caaacgtgtg tataaggggc 32200

ttgagatgag cagcgcagtc tatgggggga atacaggcac acgatggtag caattcccag 32260

taaacaacag taggaggtcc atgtgggttg ggattacgaa ccataattat ctgtcttggt 32320

ttataatcct tatcttgcat gtgtccgtat gtcagataag atgccggtat tgcttttggt 32380

tccgaatfff gctcctgaag actccagtat accggagtat aacggcgatc aaaaacatgt 32440

tcaaaaaaat cgacgtatgt ttttctggca gcctccacaa cttgtccggc ccataatgtc 32500

tataggacat ggtcccatat gcaatfffcc tgtatccgtt ctcgaatfff tggtgcggta 32560

cataggagtc ctgaaagacg ctcctttaaa tctcgcgccg cctgacttcg ccatggcacg 32620

ccaactaaat ccggaggcgt gtttgtttgt aaattccaca gccagcttcc cgtggtacac 32680

caggtaaagt cgtgagtgt cacaccctcg acccgagta ccggttccat ggccgggtgt 32740

aagttaagac ctagttgaat tcgtaataag cccgtgactg ctctttcgca ggtggccgct 32800

aaatttaagg ccgaacaacg tgcctgatct gaacatacat tgcgcgtatg taaatcgggtg 32860

aagattcccc aaaatccatc ttttatataa gtacatatag caaagccctg ttccaaggcc 32920

gtttgttcga cgcaaaggct aatttcattg gctataaaaa taatagcttt gtatatactc 32980

gggagtatgt gccgtaaccc ccaaaaaaa gacaccaacg cgggttttag gcacccatt 33040

cctcgacgca ttctagccag gacgattttg cctaatactaa aatgcatggg gaacatagcg 33100

cagtatatcg tgggaaaaaa ggcgctgaaa tcaaactttg ccatccaacg atctttagt 33160

tgtacaggct gtttgaagac ggtagatatc cggcccgct ccaattgac agttgcatct 33220



gcatgtccag tatcttgagg gatttgccca ataagatcct gcacccgcgg aggtaagggg 33280  
ggatgctgtc cccagggggc tagataatga aaggcctgaa taccggttac tggccacaac 33340  
ccatccgttt ccatgtacat ctccgtagcc gtgcgaatag attcgacggc tggagtttgt 33400  
gtccgaagag tggatccatcc gggaaatccg acagtacaaa agtagtctct gtcttcaccc 33460  
ttcggattga gttccggggc taaatacgca aagattggac ggacaacccc gggttttcca 33520  
aacgccgccg cgtaccacag tctatatgtt gctaatatgt aaagggaaga tgtaacgggtg 33580  
gaatccgttg ttaaacagtc aaaataacac ggtaagagta cccttaccac aattgcgcga 33640  
ttgccactaa gaaccaagcg gcgttcttca aggttaaaca aatcggaggt ttggccttcc 33700  
cgctctatag ggggggaaaa cgtagactta tatttccgac gtatgtaggc ctttggtgta 33760  
attacctcca cgtctaaagg tgtttggtgc tgggtgtcac cgttagattt aagtgcggtc 33820  
aggcgggcgt aggctagcga cgtaccttgc gtgtgggcgt tacatgcgct gactgctgaa 33880  
acatcaatgg ccacgggaaa attagccctc aatactccgg tagatggcgt gttgtcatta 33940  
ttcaacgcgt gttcatcggg gattgttttt aacagaagac ctgtattcgt atcagtctcg 34000  
aatgttactg gcgaataaaa cgatttaaac cctaatacgc gccgtaaagt ggccagggca 34060  
gtgccatgga gacaacgcca ggtgtctgcg ttacccagtg gttcaagggg ccaggcgtct 34120  
aacgcagccg aggacgccgc cctgcagata gacgcaaacg ttgccgcaga aacactcccc 34180  
ccatgcctgg agtagcgaca taaatcctct tgttgtacgg taatttcggc aaacttaggg 34240  
acgtatttcc cacatgagtt ttgcataat aagtagtata acacggaaag accgttctgt 34300  
gttaattgtc cggactgtgt ccaggatgtg tatatgcttg cggcacaat gtgtccgctt 34360  
tctctaacca aggtaatctg cgttgcgtcc atagcttggt tgtggttcag tgcattgtta 34420  
gaggcccttt gtgttgtaaa gaggccttagt atttatgtaa cccccctat ggatgtccat 34480  
atatgggtatt aacgggttat aaactttcaa aatttaccgc cccgtttatc cgcggccacg 34540  
atcccgggga cagttccgat agcgctaatt gtagcatggc ttcggcatgc ggggccaagt 34600  
gcatttgatg tgcttgaaaa tacacgtggc gtgccaagc gggggcagta attttgtaac 34660  
gctgttgaga gaacgaatgg cgctggctca taagcaggtt atacaactgg cggtaggtac 34720



gacatgcaga acgatccacg ttaattgaat caagtaaagt ttctagatct ttttttttta 34780  
ggtttttcac acgagtactt cccggaaagg tctgggtact tttagttacg cgggcgccaa 34840  
ataattgttc ccaaattaaa cgaaatagag caatgttata ttcgtgtttt gtagggattg 34900  
gacggaagca ttgattatgg catccatcta agaatccggt tgttcgccaa accgggcggt 34960  
ttaatataat cttagcgtca gtaacgttac agcgcataac ctcaaataatt agttgagcca 35020  
gcgaatcccc gtgttgattg aaaagtgtat taatgtccgt atccaaaact tgtgttacac 35080  
agccttcggt ggacggattc cacttgagtg tttttgcaat ataggcaciaa cggcgaaaca 35140  
gctcccaatg tgtggttaaa tttggggcgg tagttatagt cgcgatgcta aattccccgg 35200  
ttttgtccag gacgggaaac caaccggaag cgtagtgcgt gtatatTTTT tgaaatacgt 35260  
caaatgcttc caacgcttca ggtattcgta tacacgcccc caatattgcc gtattgacta 35320  
gtctaggctg ttctattgga catgcaaggg ctttaaatac tttaatTTgt tcttcggtat 35380  
taattgactc cataagatac ttttcataa acgcggtaat gttatcggcc ataaatccgg 35440  
aagggccaaa atcgggtcaag cagctgtcat tgcctgtct aagagaacgc atacaggaag 35500  
ctacggcggt agcgctatgt ctgagatcgt gtataaatgc acaaaattga actggggaaa 35560  
cgtccggttat tggacccatg ccatccaata caaccaaatt ttggttagag gccaaaagag 35620  
tttgtaagat attaattgcta tcggctaaac tcaaagaga gcatctctcg aaaagggtgtt 35680  
tgtatttaaa tcttgagaag agatgggtgt tcgagcgtgt aaatgcattt gcacatcggt 35740  
gcctaaatgc acagcacagt ttgttagtta tttgggtgtg tgtaggaaac cattgaaatt 35800  
tatttgcgat ggtaaagttt agtaacattg gcgagaacag gggtcgcat ctggtccttg 35860  
agccatcgac gtacatcaaa acttcattaa gtagcaataa acgtacacgc cctaatgact 35920  
ggtagaccga taccatatcc ggccatatg acattggctt tatgtaagca aacatgctat 35980  
gaaaatgagc catgtcaaaa ctcaatccaa cggtcacgac ggtagtgtac accaacacgc 36040  
gaaaatgttt ccattcgttt acattacata ggggccgagt tgagtttaaa ataagaatag 36100  
agtctgtaaa tattgcaciaa aactgagcaa ctagctccga aaacgataaa gttgatgaaa 36160  
atatacagat gttatgccca cattgtaatc gtagtgctag ttcgtcaaaa aatgttccac 36220

gtagttggtg tatggtacgt acatcctcgt gttcaggaga tcgtttaatg actcgcacaa 36280  
gcgtgtcgat gcccatatca cgcaggatcg tgcaagttct tccggagaac ccaactcccg 36340  
cgtatgtaca cacaattgtg tgtatgtttt catctccacg caatccggag attaaatcaa 36400  
taaactgcga gtttactgta gcatccatcg cgataatttg agaacagcga tttaaaagac 36460  
gatataatag gctatcaacc gcggaaagac gtctcattgt gggggagtat aattgtccaa 36520  
tcactgacat tacctcatcc agtattaata cgtcgtagct gtcgatagct tcgctggata 36580  
cgcggtgtag gctttcaagt tgcacaatca aacgtttaaa acccataata tatgtctcgg 36640  
atgtcaaata tgttacgaat ccggagaggc ctgcatcggt aaaccgttga atcaacgtct 36700  
gggtaaagct acggcgacat gagacaacca gtacgctaata atctgccttt aacgcgtggt 36760  
gaagccactc aagcaaggct gttgtttttac cagagcccat aggggcacgt acgacggtta 36820  
ccgggcgagt ttgtgacata ccaggtttta ttagttttac tggaacatcc aattgcagtt 36880  
ccaggctaata tcccgggtgg gtgtgtttta tccacgaaac cagatcccct ccatataacg 36940  
cccgcgcgag ctgtgtactg gacgcataga cggcggcggt gctctccccg gtgttgggag 37000  
acatgggaac tcaaaagaag gggccgcgtt ctgaaaaagt ctcgccgtac gacaccacga 37060  
cacccgaggt ggaagcgta gatcatcaaa tggatacgct taattggcga atttggataa 37120  
ttcaggtgat gatgttcact ttgggtgcgg taatgctcct ggctacgtta attgccgcct 37180  
cttctgaata taccgggatc cttgtttttt atgctgccgt agttgattat gagttattta 37240  
acgccaccct agatgggggg gtatgggtccg gaaatagagg tggatacagc gccccggttt 37300  
tgttttttga accacatagc gttgtggcat ttacttacta cacggcttta acggcaatgg 37360  
ccatggcggt atatacactg atcacggccg cgattataca ccgagaaacg aaaaatcaac 37420  
gtgtccggca aagctccggt gttgcatggt tagttgtaga tcccacaaca cttttttggg 37480  
gtcttttgtc attgtggtta ttaaacgccg ttgtgttatt attagcttac aagcaaactc 37540  
gcgtggctgc tacattatat cttggacatt ttgcgacaag tgtaatatat acaacgtatt 37600  
tttgtggacg cggaaaattg gacgaaacga acataaaagc ggtcgcaaat ttacgacagc 37660  
agagcgtctt tttatatcgc cttgcggggc ctacgcgcgc agtgttcgtg aatttgatgg 37720

ctgcgttgat ggcgatatgt atcctatttg tatcattaat gctggaactt gtggtggcga 37780  
atcatctaca tacgggactg tggatcatcg tgtccgtggc catgtctaca tttagtacat 37840  
tgtcagttgt atatcttata gtatcagaat taattttggc gcattatata cacgtgttaa 37900  
taggaccgtc cctgggaacg ctcgtggcct gtgctacgtt gggaaccgcc gcgcactcgt 37960  
atatggaccg attatatgac cctatatcgg ttcaatctcc acggttaatt cccacaactc 38020  
ggggaacctt ggcttgccctg gccgtgtttt ccgttgtcat gttgcttctc agattgatgc 38080  
gtgcatatgt gtatcatcga cagaaacgca gtcggttcta cggtgccgta agaagagtac 38140  
ccgagcgggt acggggatac atacgaaaag taaaacctgc acatagaaat tctcgccgca 38200  
caaattacc atcacaaggc tacggctacg tctatgaaaa tgactcaaca tatgaaacgg 38260  
accgcgagga tgagctgtta tacgagcgat caaacagtgg gtgggagtag cgtgggttgt 38320  
acttgtaaac cccaagcaa taaaacaaac attcacagta accaaccatg atttgatgtt 38380  
tttattagaa cgtttatcag ggtttatcag ggtttaacat ttgcgcat tggaaatggga 38440  
gctctttccc gaaggtttct gttttggtgt tacatcgatc actcgtgggc ggcgttgtgt 38500  
ggatttatcg gcgtcctctg ttacattctc atcaaagtca aagtcttcaa agaactctga 38560  
gttcaaagca acggtttctc cgttgcacgt aacaagctcg ttgtaccgtt tgcacaatcc 38620  
acagattcct cctcgaccgc tggatgaaga ttgtcccatc gcaatgaccg caatgctgat 38680  
gtaatcgctg tgtttcctgt gtctttaagt atttgtgtca ctctaggcac atcaacttcg 38740  
ataggcgtaa gaacggctat aaccggaacc gcacagtggg gtgggatagt cggccagtta 38800  
tattcgtaaa tggcagccgc ttgtgtatcg acgcgcaatg ggactccac ctcgtgtggt 38860  
cggcgcacac gtcctataaa ggtgacaagg aagggccgta gttttagcgc tggaaagtaa 38920  
ccggataata cataggtttg tacggcaatt tgtttaaagt tagcgtgccg cggattggca 38980  
aatacaggaa tttgaagagc cgtatctcca gtggcccatg caatggttgt aattgtcccc 39040  
ttttgtatgt ccggatcatt aaatacccac actcgggatg agattgtccg attgaggccc 39100  
aatgatggg cgtcgagttc tgtaagggcc ctcccacctt taaatcctaa acgtttccat 39160  
tcaacgtgat ccgttattaa ggcctcgcgt gtacttgggt ttgctgaggg tccaaagaag 39220

cttacacatg ggTTTTTtat agtatataaa aagtcccgta gatttgccat tgtaggtcta 39280  
tttattaacg tgggtgtacgt ccgaccgagc ggggttatTTT tgtcatctgg atcaaagagg 39340  
tatttagcac gacatttaat ttcaaaaaat gaaatgtcgg tttctgcagg gtggggattt 39400  
agggtgccag ttaaagggtc cctgtcacat acaagaacgt ccaacgacgc gcctataagt 39460  
cccgttcgaa cgtcgattaa aagtccacat tcatacgTtc cgattcttgg tgtaccacaca 39520  
aggagacttg gagatttggt attgagcatg tcaaaattaa aaaacttagt tgtagcttct 39580  
ggcgttaaat gatcaggagt acggatatca gccggatcta taaacaatgc ttcaactatc 39640  
gctcgtgccg ccggttcgtt ggTTTTTcca aacgccattg ccgccgcac accgtatgtg 39700  
tctgtagtgt tatgggtgta aaaccactga ggtggaatga cgggtccaga tacactccat 39760  
ttaagagttg atgcggtgat taaatttcgt ctgagtagtg tccaaatggc attgtcgccc 39820  
tgaccacgag tctccgattc tattgttaat agaatacgTt taatgtcgtc ttgggttaat 39880  
ttggatgcta actcttccgg acgcggctcc tgaggctgtg tggacgtctt aaagaacagt 39940  
gcgttggtag aaccgggtgt tgtgtaggtt acatcatttg gagactccag agttgttaga 40000  
atTTTataca tgtgggataa acgaataaaa atacccgctg tcatcccgcg acagtccatg 40060  
ttcggtgatg tcttctgtag cgtgtctata aaatgggtgtt caacgttaat cgtgttaata 40120  
tccgTTTTta caaaagggtg ctgtagacct cccacacggg caatTTTTTT ggctggctgg 40180  
gggcttatgt cgatcctatc caatcccgat cgtgccataa taaagggtga tccgagcgta 40240  
tttctgaatt atcgtgacac aacaacgatg taacaacagt ggctgggtat aatgaggccg 40300  
gaatgcgtat gccttcgaaa agctttgagt gcgttacgcc gtaacgcact gcgtgacact 40360  
ggaatatccg gcgtaaagaa ttccgggaaa tacgggtgtt cagctctccg gcgtgtataa 40420  
agggattata atttaagtcc ccggggatgt cagatgggag tatatatggc gccaggacac 40480  
atcgatatgc cagcgtatca agcgccaaat ctggtgataa cttatgaccg tagtagtgat 40540  
aatgcgggggt ccgatgtact gaaatgggca gttgtccggg aagacgtcct agcaggataa 40600  
cttctaagag tgcttggccc aatgcataaa gatcaatcg c aagtccaact ctttggggca 40660  
aggttccagt atatttagta aggcccgttc cattaatata atcaagcaag atttcagggg 40720



gttggtttgt tccatgactc aacaccaaac gaaatgacat ctgcgatgca tcccggggta 40780  
cgcgtagtac gtgctccggg tgggatggat ttccaacttc aaatatcgct cgagtacaaa 40840  
gggaatacgt atttaatggt actaggctat agtctccgat tactgctgtg gttattttcca 40900  
acgaggcaaa gttgtcgacg ttaagaaaaa tattgccaca tticacatct aggtgggtca 40960  
ggccgcacgt tcgatttaaa aacgtcaacg cttgagccaa atctaaaaat acatgggcaa 41020  
tttttctgtc tatgtgatca ggtattgtca accgtctgga caggcgaaca atgtattcat 41080  
ccatatccat gtcgtatgcc ggaaacagta gctgttttgt ttgtaacgaa aaacctaaaa 41140  
ggcaaactat gctagaaata cctagccttt cccctgctcg tatagaacct tcactcgcta 41200  
aaatcgcgtt aattaactct ctattaaaaa cacgactgtc catggttttt acagctattt 41260  
ttgacgatgg gtatatatga acacgccccat acgttccccg tcccgcaaac ctgggtctat 41320  
ctcgaatctg taatttagaa aaacataact gttcattgag cgtgaagatg ggtacaatta 41380  
aacgggataa tttggaaatt ctaaaaacct atgggggttt gttaaattgt ggaaaaacgt 41440  
ccaccctttc gcgttgatgt attggatctc tcgttaagcc gtgctttaat aaaaataagc 41500  
ttgtctgttg tgatcgttct ggtgattcca tgcattgtgc agttgacgga ttggcccatg 41560  
gatgatttac acatccgtgt gtgggggttg tggattctcg ttcttgctga tcggctgcgg 41620  
ttgcatttgg ttcatgtccg tcggtattgt ggtgggaacg caaaggctct gcagttggag 41680  
atatattggag gttggggggt gtgtcgtcag catccattgt gtaagtaacg cttcgtcgtc 41740  
ttctccaaac caagtatgat ttctgtgttc gatgttcggt cctaccgcgt cttccagtct 41800  
gtctatatata tcggtattat cgtcttctgt tttatccaaa ccgcgaataa aatcgggtgc 41860  
tatatagcgt ctgtttgtat ttaaaatctg ttgaatactt gtttgttcct caaccttgga 41920  
ttgtatatca cgaatcttct gttcaactga agctatgcga gctgcagagc ggagctgggt 41980  
atttaaatacg gcgcaggcct cttttgcagc agtaaaggca tacacaaatg ctggatcttg 42040  
tacactcgca cccccacgga ttagatcgag ggtccgttct ttaaataacc ccgcgcggtt 42100  
atgcgcctca actagtttga cacggttacg cctatgagaa gcgtaggttg gagtgtggcc 42160  
tgacatgacc aaagtgaatg aatgcggccc tgaaaatgtt tatgatatat acgtaacgag 42220



tacgtaagat gacgcggctt cctgttttac tgcttacaag agatgaggcg gattccgtga 42280  
attgatgtta aatgtcattg ataatgtttg gtcgtacgct tggatgaaga tctgtaagat 42340  
atattgaacg tctaaagcgt cgtagggatg aacgccttgg gacgttggag tcccctaccc 42400  
cgtgttccac gcggcaaggg tctctgggaa acgcaacca aatcccgttt ctgaattttg 42460  
ctatagatgt aacccgacgt catcaggccg ttattcccgg aattggaacg cttcacaact 42520  
gttgtgaata tattccactg ttctcggcta ctgctcgacg ggcaatgttt ggcgcgtttc 42580  
tatcgtcaac agggatcaac tgtaccccca atgtagtttt gaaaccatgg cgatattcgg 42640  
taaatacaaa cgtaagccct gaattaaaaa aggctgtcag tagtgtacag ttttatgaat 42700  
attcaccgga agaagcagca cctcatcgaa atgcgtatag cgggtgttatg aacacatttc 42760  
gcgcgttttc tctgtcggat agtttctgtc agttgtctac ctttacacaa cggttttcgt 42820  
acctgtgga aacatctttt gagagtattg aagagtgtgg aagtcatggc aaacgcgcaa 42880  
aggttgacgt tccaatctat ggcagatata aggggacgtt ggaactgttt caaaaaatga 42940  
tcctcatgca caccacgcat tttatttcat cgggtgctatt gggcgatcat gccgacagag 43000  
ttgactgctt tctgcgtaca gtgtttaaca cgccaagtgt ttctgacagt gttttagaac 43060  
acttcaaca aaaatcaact gtgtttttgg taccacgtag acatgggaaa acatggtttc 43120  
ttgtaccatt aatagcttta gtaatggcca cgttttagagg aattaaagtg ggttatacgg 43180  
ctcatatacg caaagcaacg gaaccctgtt ttgagggtat caagtctcgc ctggaacagt 43240  
ggtttggggc aaattacgtg gatcatgtaa aaggcgaatc tattacgttt tcatttaccg 43300  
acgggtctta cagcacagcg gtgttcgcgt caagtcacaa cacaaacgtg agtgttttat 43360  
aaatttaacc tttaatatat tactgtaaat gttgacatat acctttccac aacggcggtt 43420  
gagttaaggt atactaggtg gttgtaggtt ccggttcacc cgataatctt tgtgtctcgg 43480  
ggaagcaaat tcgctgaagc agaccacagc cgtaataat agcccggctt aatgtttctc 43540  
caaacatata aagctgccac ccagatgaat ttactggtac agagagacca ctggcggttg 43600  
ttcccgtat aacgtcgcca agatttgcgg taatgcgagg attttttagta ctcgtaattc 43660  
gaatgcaggt ggtgacatct acaaaaagaa cctgcgtggc gccaatgtct acctccactt 43720

ttaattcccg ctgaccggcc ttctccaca tacacggagc ccaacacaca caaccttccg 43780  
catgatttgt gacatggggt aacgcataca gtgccccac gtgaactcta tgattacatt 43840  
catcacatcc gtccgcatgg ctgaggagtc gatttaatac agagccaagt atccgagcat 43900  
gccatccggc gggacatagc cctattaaat taggttccat agccagtaca tataaacgcc 43960  
ttcgttcgtc tgaccaccac actcccggag aaataacttt acatgcgtat ggatttttctg 44020  
gaagccgcgg gggttgtaag tagttgctta agtttggcgt tgggtgtaaga tctgcggggg 44080  
tgggatctgc tcgaggatcc ggaatagatg ttggaagggg gtacgcgatc gggttcttaa 44140  
acgttgctcc aaaaacatgg tctatgtttt caaccggata aattcttaaa gtcgccgtca 44200  
ttgcgtacga gacctgtaa ttaaaattta caattacatg aaaagtcttc ggaggtaagt 44260  
tcatctgacg tgggcgcgtg atgtaaattg tggctacaac aacggcaata ttagtagtat 44320  
ccgtttgaag ggggataaac ggagcgatcc ttaaagttat aaaagcagtt gatcgatta 44380  
ttttcacccg gggatcggtc aggatggact tccataatcc catatccagc gttaatgcat 44440  
cgcagagtct ctgaactgcc tcgggggtta atttgcgcgc tgcacccgta gcggtgtaca 44500  
gcggaaatat gcgttgtaat tccatgagca gaaaaacagt ctagcggatt gccgcccggg 44560  
tacttgtggg tttaatgcca cccacccggt tattttatat tttaagaggg ggtggaaacg 44620  
ggagaaatga cgtaaaatta catatgaaga gattctgggt ttatgttttt atagtacac 44680  
taatttat tt atgggggttg ggaatagaga agcagaatct gtctagaata ggtccgatta 44740  
acgatgcagg tagtgctgcc tgtaggggtat cggtaataca aaaacatgcc gcaaatcccc 44800  
ccggtaaaac taaatggat tgtaattgct ggttaaattc tagacaaatg tacgcgtaac 44860  
attgaccggg taaatactta gaacaaattc caatatcaac aatatccgcg ctgcgtataa 44920  
atttaccct cagttgtgtg gaattaccaa taccaacctt ttctaaggct acgggaacgg 44980  
ggaccttgga aagcttaagt atttcccctc ctgaattata atagtcaa ataatatatag 45040  
aacgattacc taaccagcat gggaaggaag cgtgaaggta gggatatata cccccacctt 45100  
gtggtcgtgt atatacagat gacagatacg caaaaccgc atacatcaag gagctgttat 45160  
aaaacgcata cattgacatt tccgttaaca ccgaaactat agtctgaatc aggtctgggtg 45220

tgcgggctac aatttcatca ataaccgttt gggaagaatc tgcaatatca tattccatga 45280  
gttggttag agtcgggttc gtttgtaact ccgttataag accttgggtt agcgatgtca 45340  
cacacgcttg tttaaatacc tggtttaaaa acatttcggc gcctgggtta aaggcgggta 45400  
aggggggttg attatntag acgttagcca aaaacggtaa acgcgcgact agctcttggc 45460  
gagctgtcac atgtaggctt tggggattgt caaccgggc atttatacac gcagcatcaa 45520  
taatagcctg tgcagagtga tataaaattg gacttccggt aatacgtcct cccaggcag 45580  
aggatccgtt gtaagatact acaatcaacg gactggggga ttctgcgtaa tgcgcggta 45640  
caattgatag gggacgccgt ttccagaaat ctgctggagt gtccccgcta actaattggg 45700  
cataacagat gtcgaacat tccataagac tttgggggttc tgcgaagct ggggtaaaca 45760  
atagaacgtc ttgtaaagggt gggtgctgg cggacgaatt gtttttcttt cccgtaaatc 45820  
gcccttgtcc aggcggctca aggacgccat caaaggaacc gttattgatc ggatctgtgt 45880  
tggaagtttg cgctccgtgg ccctttgcac tttgaagcaa cccagatgca acgcgggaac 45940  
tagaaggctc gacggggtgc ctggagttaa caatgtttac ggcccgtttt attagctcaa 46000  
ggacgtcccg attattttcc tgtatgcgtg tttcagcagg ggagtcatac atacctccag 46060  
aagttaactg tcgatcaaga tcgattatgg atgaaacggg tccaatattg tccccatttg 46120  
acgtgtgtga ttcacccatg gctgccacca tatgctctgc gtatatTTTT atagacgatg 46180  
caagacgagg ggtgcatcgg atatacgaac tcagctgttt gcataataaa agtaccctgt 46240  
gtccatcagc aaaataacgc gttccgtttg ggattagttc tgcatacata atacaaatat 46300  
cacggtgctt gcggtttcca gtatttattc gtatcgctac aacgtttaa atgcatcaaaga 46360  
ataaaccggg gctaagataa acaggcaatg ataaaatcaa tccccctgaa ttatgcgtgg 46420  
ccgaaaaaac gtgtgaaaca aatgggttccg tttttggtat taagagattt gtttaaggcgt 46480  
tatcgggaat gtacgcggcg aaaacttgac accacgggtc gcattgacct gtagcatgat 46540  
atcttgtttg tacttcaacc ttgaagcgtt gtccgggttt ctttaaaatc agtaatgcgg 46600  
gatctattcc ggccgcaata agccccgcgt taggtatcac aacgtgtagt aatccttttg 46660  
tgtgatcatt atgccaaagt gcatgtttgg tttcatttgc caaatgggct tccattatac 46720

accggatatg gttgtactgg aaaaaaaaaa gaaatatgta cgtattcaaa catttttttac 46780  
gtacgtggta ttttaaggata catttaaaact ttgggtgggggt aactatatat ctttctatcg 46840  
ttccagggta tccgaggtca agatttttaat cttctgtttg tggatgaagc taatttttatt 46900  
cgacctgatg ctgtacaaac tatagtcgga tttttaaaatc aaaccaattg taaaattatt 46960  
tttgtttcat caacaaatac cggaagca agtacaagtt ttttgtataa cttacgtgga 47020  
tcgtcggatc agttgttaaa cgttgttaca tatgtatgcg acgatcacat gccgcgtggt 47080  
ttagcacata gcgatgtcac agcttgttcg tgttatgtat taaataagcc ggttttcatc 47140  
acaatggatg gagccatgcg gcgcactgca gatttattta tggccgactc cttcgtgcag 47200  
gaaattgtag gtgggcgtaa acagaattct ggggggtgtg ggtttgaccg gccattattt 47260  
acaaaaactg cccgtgagag gtttatttta tatcggccgt caaccgttgc gaattgtgct 47320  
atattatcgt cagtgttgta cgtttacgta gaccctgcat ttacctcaaa tacacgagcg 47380  
tctgggtactg gtgtagcgat tggtggtcgt tataagtcgg attggattat atttggattg 47440  
gagcactttt ttcttagagc ttttaactggc acgtcttcca gtgagatagg gcgttgcgtt 47500  
actcaatgct taggccacat actcgcttta caccccaata catttacaaa cgtacacgtt 47560  
tctatagagg gaaacagcag ccaggattct gcagttgcca tatcgttggc tatagcacia 47620  
cagtttgctg tcctcgaaaa gggaaacgtg ctatcttccg ctccagtgtt actgttttat 47680  
cattccatac ctcccggatg tagcgtggcg tacccttttt ttttattaca aaaacaaaaa 47740  
acgccggccg tagactatit tgttaaacga ttttaactccg gaaatataat agcctcacag 47800  
gagcttgtat ccctaacagt aaagttaggt gtagaccccg tggagtatct atgtaaacag 47860  
ttggataacc tgacagaggt aattaaaggc ggtatgggta atctagacac aaaaacttac 47920  
acgggtaaag gtaccacggg aacaatgtca gatgatctga tggttgcatt aattatgtcc 47980  
gtgtatatit gcagttcatg tataccggat tccgtgttta tgcctattaa ataaaaacia 48040  
gacgcgtgaa atgtactag actggttgtg tttttattaa cacctgttta cacttgaatc 48100  
acggccgtgc ggtctcccgg atgaacagta gaggtccat caaacacaca gacgcgtaaa 48160  
attgcgcgag ttccaaggt atccccagt ctagatgatg ttgatatcca agatgaaata 48220



gtttcatata tgggaaatcg gcgatggccg tcttgaatcc gcggcattgg cggtatatatta 48280  
attaactggc cggtttctct aacgcaattg gccgtttgta tcaataaatt tacataaccg 48340  
tcgtgtgctc cttggactaa caaagttgga atcagcgcca ataaaagcag acatccctcg 48400  
tttatggaaa acattagatt taaaaccaat gtgcgaatag ccgcatccga tccgtcccga 48460  
tgttgtaaatt ttgtttcgag ttcataacgc cttccattgt aacaaatgac atccgcgcct 48520  
cgtagaactt cgtggggtaa aatttgagca cccgcggccg tgcgctcaac ggcccgtgca 48580  
accactttgg cgatgatttc tcgcattaag gtctggggga tggttaaagg gaaaacaatt 48640  
tccagtccta cagagtccaa gcgaattgag tctgcggacc cgaaaaccgg aggaagtaag 48700  
cagatgtaat cgccattaca aagatcaacg ggggatgtat tttgaataaa caaccgggt 48760  
gtaggagtac ccacgccaat ggcatgcgcc aacaactttc ccgggatgac ccgtgttata 48820  
actgccgcga atcgcattcg gtatgcctct aacagcgaga gcgtgtctgg tggagcaccg 48880  
ttaatgtaat atgacgacag cgctatatcc accagtgaag ctcgatgacg cagggttgag 48940  
aaggtaataa tttttccctc acatttctgt aatgcagatg tttccgccgg ggatagttct 49000  
cctggtaaca atacctctat ctcaaattggc atagccatgt tgtttaagga agcgtgaaac 49060  
agaccaagtc ggccgagcgt atccaaatct caagtaagat gccaatgcgc tctacagggc 49120  
ttttattggg agtgggtatg tgggcgtggg gaaattatcg cggaagagga agacatcccc 49180  
taaggggcga cgcgtctcga atcagatatt gggctaagtg aacttcatct gccccggttt 49240  
ctcccgcgtg agccgttcgt aacatggccg catcgcttga gcatagtggg ggatatgctt 49300  
cttgaaaaag gccacacgga tcctgtgtca tttcggtaga accgggaggg cgttttaaatt 49360  
gatattcagt gtcggtggag ctttgcgacg ccacagcctt tgcctccatt agaagccgat 49420  
ccagtgtatt acaattagtg ttaacctccg ctggtgtaaa aaacttaaag catgggctgt 49480  
agataggaga agcgcctgta aggttgatg ttcggttgta tagcctgtca ccgtatgaat 49540  
gtttttgtga tgcccatggg ttaagagttg ctcgatctgt ataagcaaca tccgattgtg 49600  
tgtgatcaaa cattatagcc tctatgtcgg cgtcacggtc acccatatat aacattccag 49660  
atgctcgacc tctaggattg catgcagttc taaaataatt taggtcagtg gacaccggca 49720



tggccacaaa ctcacacaca gaggcttgcc ctctgtgcaat tcctgccgat gtagcaggac 49780  
gtagtccgcc gaagatgggt aggggttcgg tgggatttaa gcgaccccc gatgctgtta 49840  
tacgacgcaa cgattcggta acgttatcat gtaacattgg cactcctcct cgtgaaaaaa 49900  
aaagattttg ggcagtattg cccatatccg tgagagggca tcgcagggt gctgtggcac 49960  
atacagctgt atacccgact cccaggcca cgtgagctct gggttgggtt agggtaaagt 50020  
ttaccccc aatagcatca tgatgggtga cttggatttg tccgacaaag tacgattcag 50080  
aagcacgctc ggcatataaa agttgctctg tggcaaagcg atcctggcgc actacggtaa 50140  
aggcaatccc ggggtgaaat cccgttcgta gttgatgtgt aagagatatt ggtgtaaact 50200  
taaaataccc tccaagaaga gaatatgtaa gagtattaaa atccgactta ctatgcgtta 50260  
catggtaggc aacgggttgg cgtatagttg cgtgggtggtt ggctcccaga aaaggaggga 50320  
ttgggtgtac catttttgcc aaaacccgcc tagcatttgt cattccacgc aatgatgcca 50380  
aatgttccgg acatgcaaac agagggttga ccggaacggg ataaaaaaaa gtaccggttg 50440  
caatggtttc atcgtacgcc tgatatgcca tcataataag gccatggtaa agcgctccgt 50500  
catatattct catatttctg gttgttgccg tggcggctcc cgcacgggg gcgcttgata 50560  
ctaaaatggc cgtcgttcgt tcagccatat ctcccattaa ctctttagt gtgagcaatg 50620  
catcaccatc aacggttagg tgtgcattat ggaagtaaac gttaagagag ttcggaacga 50680  
gttgggtgtc gtgaagaggg tgtcttggtat ctcttgggt agttggggct tcttcatcag 50740  
cgggaatttc cggaacgata actgcctgta acgcagggt taggcgatca taacgcacgc 50800  
ccattgtaca acaggaaccg cgggaaaatg caggaatgac aatatagtag taaatcttgg 50860  
agagaatacc ccattcacgg tcatgggtgt gagtaatggg aataacctga cccgtgtctc 50920  
cccgaacggg tctcccggtg attaacacat tatcgctcg ttggaagtta tgcccggcca 50980  
tatccacaaa gtgaagggtt tggatatccgt ttcgcccgt tacacgaatt gcggggagtc 51040  
ggtctcgggc ggcttcatca cggatatatta acgcatcaca atcccataga ataggtgcaa 51100  
taaacgtgtc atccgtaagg atgttattta gcgcttccga ggtctcgccg ttatggccct 51160  
ctccttgtat tgtaaaatcg gttatagttt ggcgtaatgc tcttacatgc tgcagtaa 51220

cccgatatat attaatacag acttcgggaa gctcaccgtt tccgagatat gtagttatgt 51280  
acattaacat gtgaaagtta ttacaaatg ccaccctgtg ggattgctcc caatacccgc 51340  
gaatacactg tgттаacagt cgcagtaacg cacagaagtt tctttcgttt ccatgaataa 51400  
cagcctctag catgtagaaa atagttgggt atgcgcggtc ttcaaagtga tcctttacgg 51460  
ctttaatggt tgccgggggtc attgtatgtc ttcccaaacc gagttgggtt ccgcgacagt 51520  
ctcgaaatga aatgggacat agaggcacgg gaatgtttcc gttgataatc cgtaatgttg 51580  
cgttaacggt tggcatggct tccggggggac gctgcggtcc gggaaggctt acgtcccccg 51640  
gtgcaacaaa aaaatcaaag gcgggggttta attcaaacct tagacgcggg ttgctcggag 51700  
ctataaactg tagaattggt aatgttcgt ttaccaatg agggatgatga ggcatcatat 51760  
ctgcccacgt ttccataaac ctccccattt gaacatccaa tgtgtcctct gtaccctcgg 51820  
ccacgtatac accaaaataa cactgacgat ctaaagtgtt ttggcggagg gcaacaagtg 51880  
tggcctcgac atcaagcaat gaactgtggc agatgggtacc cattgcatca cgaagagtca 51940  
actgtgttaa tatcccatct ttattataaa aaaaaatccc ttgggggtgga aattgacgtg 52000  
gatcctgttc ggatacagtt gaaaaatcgc cggcgtgtcg tgtatatctg tccatggagt 52060  
ttgcctgaaa cactcccatt ggcatgataa acgtaatatc tatatttcca ataagagggt 52120  
aggcaacgcg cgtagcttgg tagaccgcc gttctaattgc ttctaagaat acaagtttat 52180  
ccccaacaat cactaaatcc gcaggaacac gggcgttaac cggaagccca gctgtcgttg 52240  
aatcggagtt ggattgtggg ggtatagacg gtatgtttta cgtgttaggg tcggttatat 52300  
caaggagatg gcgggctaca tcatccattc cgcgacggc ctttcccatc acaagggcgg 52360  
ttaccaagtt tgtcccctgt agaaccattt cgccatatgt tactgggtacg tcagcggcgg 52420  
tgtcgtcaat ttgtaaaatt ccctgtaata gttgccgttt taagggttgct gttgttacca 52480  
acacaccgtc aacctgccgt ccgcgagtgt ttgtatgagt tattcgtgat accatcaccg 52540  
atggttgggt gcacgaaacc atatccgaca gatacgcaga gatcagccta ggttccctgg 52600  
cgtgtcgggt cataaaaaac atatccgcac agactctacg tttagaggtcc gaaagtaggg 52660  
ccgcgcgtgc aacacgattt agatgtccct cgggttgga tttattaatt ggtgaaagca 52720

gcgatagcgg tggggctttc tccaatagaa caccaagaag ttgatcggca gtgcctcgtt 52780  
caaatgagtc caaaacggtg cgtaaattac gagccatctg ttggatagct cttatacgta 52840  
acgatgagtc aatctctgtc ccatcgacat atgtgttact taacaaactc aacgcttccg 52900  
atgcaattgc aaacgcagcg cttaacgaac gcttgtgtat ccgcttaacc atataattat 52960  
gaacaggctg atcgacggga tgtgggcat cacgtgctat catgggttgt tgtacctcaa 53020  
attgaataac gccatctcgc acgtaagcca gctccggaaa tttagtagac atgcaagcga 53080  
cagacagtcc aagtcttaga aaacgcacaa agtttaatgt attgcagtat gtccccaaaa 53140  
gaatatcgaa ttgagccgag taaaggctgt tatcatctga tcgtatttgt ttaaaaaaat 53200  
caaaaatgca acggtgtgca cacacctcta tggttgacag cacatttcca gttggaatga 53260  
tccccgctgg gatgttaaata aaccagcaa tacgatcaga ttccgttgta gtaatcacgt 53320  
tagcgggaca tgaaaccgtt gtcattttgt cagcagcgtt gcgacttgaa tccggacgtg 53380  
taaacgtgtg cgggaacaag aaaactgcga gaagtttgat gtagagtga acatatgtat 53440  
gggtgtttcc aagtaacacg ggggcggtaa ttataaatac ccaacattat ttttagactg 53500  
aacaattata gtacatttat tgaaatggac taaaacgaaa tagatgtttt taacataaca 53560  
cggaccacaca cccttggccc aataaaggat accgtgtcca ccaaacagtc catagcgtaa 53620  
ataactgccg ccattaccag taacacggct ggacttggac ccacgacac aggaagtatt 53680  
tttgaaacgc tatctggaaa aataacctca ctttgcaagt gtccggtaat caaaaagaac 53740  
acccgggtgt ctataaaaag agtataatac gccgtaatac aaaatagcat tgttcgagtc 53800  
acaacaataa ttccaagcag cagttgctgg gatgtagata agggtagcag gtctgatcgt 53860  
atatttctgt agacacacaa taacataata ataagtcgaa agtgatgtag aatcgtcaga 53920  
agtaaccggt ctgtgaataa gagcatacag cgtgtcgtt tatagtaaaa aaaaaagaag 53980  
atacaacata ttggttgaat caacaccgtg gatataatat aaaacacgga gtgttgcgta 54040  
aacgccgacc tgtttacggt agatgtgcgg gtacatgcag agcttaatag taagtccgta 54100  
tcacccccat acgataacat aaccatggtg ttataaagcg gtgaattatc actggattta 54160  
cacacttttg cgtcctcttc ggggtgctgg ttaaccataa cgctaagcaa gtcctttgtc 54220

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5



Ala Gly Val Asp	Val Thr Arg Glu Asn	Lys Leu Lys Leu Phe Pro	
3180	3185	3190	
aca ccc acc gcc	att aat acc aca aat	ggc ttt atg tac gta cca	55077
Thr Pro Thr Ala	Ile Asn Thr Thr Asn	Gly Phe Met Tyr Val Pro	
3195	3200	3205	
aac gaa gcc agt	ttt tca ttg gtg tat	atg cgt atg ttg gag tta	55122
Asn Glu Ala Ser	Phe Ser Leu Val Tyr	Met Arg Met Leu Glu Leu	
3210	3215	3220	
cca gaa agt ttg	cag gag cta gtg agt	gga tta ttc gac ggg acg	55167
Pro Glu Ser Leu	Gln Glu Leu Val Ser	Gly Leu Phe Asp Gly Thr	
3225	3230	3235	
ccc gag ata cga	gac gcg ctt aac gga	agt aac gac gat gaa aaa	55212
Pro Glu Ile Arg	Asp Ala Leu Asn Gly	Ser Asn Asp Asp Glu Lys	
3240	3245	3250	
aca agt ata att	gtt agt cgg cgc gct	gct gat gtg gtt acg gaa	55257
Thr Ser Ile Ile	Val Ser Arg Arg Ala	Ala Asp Val Val Thr Glu	
3255	3260	3265	
gac gta aaa gca	gat gat gtg ccg att	tcg ggt gaa ccg tat tct	55302
Asp Val Lys Ala	Asp Asp Val Pro Ile	Ser Gly Glu Pro Tyr Ser	
3270	3275	3280	
gag aaa cag cct	aga cgg cgt aag aag	tcc gat cat att aca cta	55347
Glu Lys Gln Pro	Arg Arg Arg Lys Lys	Ser Asp His Ile Thr Leu	
3285	3290	3295	
agt aac ttt gta	cag att agg acc atc	ccc cgg gta atg gac att	55392
Ser Asn Phe Val	Gln Ile Arg Thr Ile	Pro Arg Val Met Asp Ile	
3300	3305	3310	
tgg gat cct cgc	cat aaa gcc act act	cat tgt atc cgc gcg tta	55437
Trp Asp Pro Arg	His Lys Ala Thr Thr	His Cys Ile Arg Ala Leu	
3315	3320	3325	
tca tgt gcg gtt	ttt ttt gcg gac gag	gtt ata ttt aaa gcc aga	55482
Ser Cys Ala Val	Phe Phe Ala Asp Glu	Val Ile Phe Lys Ala Arg	
3330	3335	3340	
aaa tgg cct gga	ctt gaa gat gaa ctt	aat gaa gcc cgt gag acg	55527
Lys Trp Pro Gly	Leu Glu Asp Glu Leu	Asn Glu Ala Arg Glu Thr	
3345	3350	3355	
ata tat act gca	gtt gtt gcg gta tat	ggc gaa cgg ggg gaa ctt	55572
Ile Tyr Thr Ala	Val Val Ala Val Tyr	Gly Glu Arg Gly Glu Leu	
3360	3365	3370	



cca ttt ttc ggg cat gct tac gga cgt gat ctg acg tcc tgt caa	55617
Pro Phe Phe Gly His Ala Tyr Gly Arg Asp Leu Thr Ser Cys Gln	
3375 3380 3385	
cgg ttc gtg att gtt caa tat ata ctg tct cgg tgg gaa gcg ttt	55662
Arg Phe Val Ile Val Gln Tyr Ile Leu Ser Arg Trp Glu Ala Phe	
3390 3395 3400	
aat tgt tat gcc gtt att gaa gat tta acg cgt agt tat gtt aac	55707
Asn Cys Tyr Ala Val Ile Glu Asp Leu Thr Arg Ser Tyr Val Asn	
3405 3410 3415	
gcg tta ccc agt gat gat gac acg gat caa gtt gct caa gat tta	55752
Ala Leu Pro Ser Asp Asp Asp Thr Asp Gln Val Ala Gln Asp Leu	
3420 3425 3430	
ata cgg acc att gtg gat aca gca aac agc ctc ttg agg gaa gtg	55797
Ile Arg Thr Ile Val Asp Thr Ala Asn Ser Leu Leu Arg Glu Val	
3435 3440 3445	
ggc ttt att ggc acg ttg gct gaa act ttg ttg ttc tta cca ctc	55842
Gly Phe Ile Gly Thr Leu Ala Glu Thr Leu Leu Phe Leu Pro Leu	
3450 3455 3460	
ccc cag ctt ccc tgt tac aag gaa acg tca cat ctt gca aaa aag	55887
Pro Gln Leu Pro Cys Tyr Lys Glu Thr Ser His Leu Ala Lys Lys	
3465 3470 3475	
gaa ggt gtg cga att tta cgc ctt gca aaa aca gga gtt ggt tta	55932
Glu Gly Val Arg Ile Leu Arg Leu Ala Lys Thr Gly Val Gly Leu	
3480 3485 3490	
tcg gat act gtt ccg gtt gat gtt tct gtc acg gaa agg cat gag	55977
Ser Asp Thr Val Pro Val Asp Val Ser Val Thr Glu Arg His Glu	
3495 3500 3505	
tat gag ata tcc cgg tac tta gat acc ctg tac tct gga gac ccc	56022
Tyr Glu Ile Ser Arg Tyr Leu Asp Thr Leu Tyr Ser Gly Asp Pro	
3510 3515 3520	
tgc tat aac ggc gct gtg cgt cta tgc cgt tta ttg gga tca tca	56067
Cys Tyr Asn Gly Ala Val Arg Leu Cys Arg Leu Leu Gly Ser Ser	
3525 3530 3535	
att ccc att gcc ctg tac tac aat aca ata tcg ggt aat gcc ttt	56112
Ile Pro Ile Ala Leu Tyr Tyr Asn Thr Ile Ser Gly Asn Ala Phe	
3540 3545 3550	
gaa ccg tat ttt gct ggg agg cgt tat ata gca tat tta ggc gct	56157

Glu Pro Tyr Phe	Ala Gly Arg Arg Tyr	Ile Ala Tyr Leu Gly	Ala	
3555	3560	3565		

cta ttt ttt ggt	aga gtg cac caa aca	cca ttt ggg gac ggg	aaa	56202
Leu Phe Phe Gly	Arg Val His Gln Thr	Pro Phe Gly Asp Gly	Lys	
3570	3575	3580		

aaa acc caa agg	tag tgtgtattat	tcgcgaataa	agtattgtag	agaatacgtt	56257
Lys Thr Gln Arg					
3585					

tatagtgact	ttttattata	catgtttttt	atgtcagagg	tattttatta	tattctcgaa	56317
ggcgggaatt	tccacataac	atccatccga	taataccaaa	cccactacc	gccagaaacg	56377
cccctcctaa	agaggcccca	aggtattgtc	ccgacattcg	tatggcttgt	cgtcgttcga	56437
atcctagaag	cgttaccaca	gttccgtttg	gaaacaacaa	cacagcctta	gagtcatccc	56497
cgtgcatgtc	tggattgaag	ggtggaattg	tggagtttcc	catagcggct	agttgtcgtt	56557
ctgtatcttt	gctgtcaata	ataattatat	ccataatcgc	ccccgtgggt	agatacctaa	56617
gaaaaacact	tccgcaatac	aaacattctt	ttaaattgtc	cggatggggc	agtgcgaccg	56677
tctctatgac	accatgttca	gacacgcaag	tatccctgct	taaataaaca	acggatatgg	56737
ggttatatac	atccacatct	gccagggaat	ataccaaacc	cctttgaggt	ttgtttcgtg	56797
taatcacata	actgtgtccc	tggacagctg	gaagaatgag	cacatattct	ccgttacgcg	56857
cggctgcac	ttgacacgta	aatacttctg	gtacatgggt	gtggagtata	tgcaaattct	56917
tggcagtcca	tgtggtaaaa	atcatcatgg	ttttaaatgc	cgcgtcgaat	atttcagatt	56977
cgtctagttg	ggtatgcaat	acctcgttaa	gtcctgggcg	tgttggtatt	gccgacagga	57037
gattcataac	atgaatctct	tccgtgaggt	ctgtacgaag	ggaaccata	caaggactgt	57097
atacgtttgg	tattgtaaac	atgtgttttg	aaggatttaa	gtagccagg	ccttcttgta	57157
tgttaagtgc	tgcttgcggtg	gcgtgagctg	ccgtacacat	ggatgtcatt	aaaagcaaag	57217
ttgtgcgacc	gtctaatacc	cgagatgaat	tttctagtcc	ttcgcggaaa	tttaataaaa	57277
tcattgaggc	aaaaaataaa	gcctgcctct	ctgtagcatt	taaattttgc	ttcacaagca	57337
gccccttgta	tatgctcatt	ataacacgcc	tggcgagaga	aagtgcattc	acatggtctt	57397
gaccacggga	aagcgcgtat	gcggtcttta	gttgatcacg	ggcttcatca	tatgaaataa	57457

aataatcgac atttgcgggt ttacctgac caaaaagaag tgaaagttcg tcatgaagct 57517  
gcgatggatc ggcaaagatc agatccgagg ttccggatat agtgttggga tgagctcctg 57577  
ctcctatccg cattaaaatg taattaagga attttaattg atactgaaca tctacgatct 57637  
catctaacag aaaatattct gtggtacggc ccatttccga caacgcaaaa attgatgtgg 57697  
ctattcttgc ggcgatatgg taatagcttt cctcgtttat gtcatgttga tccgccttcg 57757  
ttgtcatccg cagagcctcc gtgtgggcca tggataaatg atagcggtaa tccaaactct 57817  
cttcgggata tgcgcatata tcgaccgtag catgctttga aaaattcata tccaaccac 57877  
gtccaagtaa ataaactcga taagatggcc ccgatccgg acccggtgga tttagctgga 57937  
accatgtggt gtcgcttgta accgcgttca gttttactgt atgtggtaca acaattaatt 57997  
ctatcgggtg tccagaggat aaagaaatga gcgagctcat aaatcctaca ccaatattta 58057  
cttccacacg acccgagtcg cttgtgagaa gcaccgaacc ggtggcccag tatcgaattg 58117  
gccataccga ccaaaaagg ggaacgtgta ttctcaacgt tgagttggtg ataattgctt 58177  
cggcagaaaa aaaagtatgt cgggcaaggg catcccatgt agcaaaatgc gctttatgtt 58237  
ccagaatagt attcttgggg actgttgggc gagcgggtaa aagacttacc ccaaacggcc 58297  
tttctgcagt tgctgcggtc tcagctcttt ccaaagcca tacaaggggg tttggtggga 58357  
acgtagtaaa cgcaacaaga tgttgcgtag ttaaatacgg cgcaaacgaa ctgtcaaaga 58417  
agctcacgtc ggggtgtcaca gggtgactaa gaaatccaaa acgtccagca ggaaacggtg 58477  
ctcgatgttc tgctttgaaa tggatatggcg ataacaagta ttttggaat ataaccagcc 58537  
cgacgtctcc ttctgtgtgt gtagggttaa ccttaacaat aaccaagaaa acgtgttttc 58597  
tatcatttcc ccagtgaagt gatttaatga gttcttcac gaaaccagta ggataaaagg 58657  
cttctaattt cagagacata ttacggtcgg aatattctcg tagaagagca gacatatgtc 58717  
cgatagagcg agtcgcaggg gttggtgtta cgtaagattt attagccgtg gtccaaagag 58777  
gaagaattac caccgctaaa actagcgcaa acatagtcgc tgttacttgc gctacaatat 58837  
caccgcaacg ttatgcacac agcgtgcctt taccctcct caccaccaa caggcttggc 58897  
ggcttttaat attaccactc cgttttaggg agataaaggc gggattaaag gatgtggtaa 58957

taaatgacgc atatataaaa aagaaaaaca cgtacacgcg agtatgacaa tgtgtatcat 59017  
 ctttttactg gtacatacgt aaatactagg tataatttagg aagtgttgct ctgaacggca 59077  
 ttaacaagct ctttcaatat attccatgca ccggaggaca tgtttgccgg ggtcatctgg 59137  
 ggtagcagag ttttttagttc ttgtgccgca tgctgggggtg tctgttctaa cgataatacgt 59197  
 aacggagaca tgcttcgtga gcagtttgaa agggctctcca ttcccatgca ccataacggc 59257  
 agaatatattc caaactctcc gcaaagctcc ggaagtttaa gcacggcgaa taacgtgtct 59317  
 tcaatcccag gtacttcgcg tagttttata cactcggatt tttgtaattt ctgtttaaat 59377  
 acatcattac aaaatgacag tgtgttccag cccgcgtgcc agttgttagt ttaagaaat 59437  
 ataattgtat taataagcat tatatataca tttctcagaa ccataacaaa cggcagatta 59497  
 accgtttctc ccggtctggc ccgtttgctt actctggata aatgactggg gagtgaaacg 59557  
 gtacaaacta ccaagttggc cccgggggggt tcagcgggaa gcgtaaacaa taaccagga 59617  
 agcgccgctg gggacatata tcccactaag tatctggaca agggaaaaca tatagttgag 59677  
 gcgattgggt gtcggtcga taacataatt ttatacggct cttattttac ttgtacgaga 59737  
 tccgatgtac ttgtgtccat caatgccgag attttcgcat gcataattgc atgcggagaa 59797  
 cagaacaggc tctgaaaatg agccgtgagg cgttgtgcgt cttcaggcga aacgtctcca 59857  
 ttaagacggc gagtttgtgt tccgtaaatt ccgcaaattg cgtcctcccc tgcaaggtta 59917  
 cgccaatacgt acaggggctc cccaatgagt aagatccggt ttgggtgttat tgcaaagtgg 59977  
 tgtaaaaatt cttcggcggc ggttgttttt ccaattccat acgccccgtc caataaata 60037  
 cgcaaaacgc ccatttttac atcggtttta tccgttgaca tgtttattgt agacaaacgc 60097  
 gtcttaggtt atcttctggg acggaacttc aaat atg tcc gct agt cga att 60149  
 Met Ser Ala Ser Arg Ile  
 3590  
 cgg gcc aag tgt ttt cgt ttg gga caa cgt tgc cac act cgt ttt 60194  
 Arg Ala Lys Cys Phe Arg Leu Gly Gln Arg Cys His Thr Arg Phe  
 3595 3600 3605  
 tac gat gta ctc aaa aag gat att gat aac gta cgt cga ggt ttc 60239  
 Tyr Asp Val Leu Lys Lys Asp Ile Asp Asn Val Arg Arg Gly Phe  
 3610 3615 3620

gcg gac gcg ttc	aac ccg agg ctg gca	aaa ctc ctg tcg ccg tta	60284
Ala Asp Ala Phe	Asn Pro Arg Leu Ala	Lys Leu Leu Ser Pro Leu	
3625	3630	3635	
tcc cac gtg gat	gtt caa agg gct gta	cgc ata tca atg tcg ttt	60329
Ser His Val Asp	Val Gln Arg Ala Val	Arg Ile Ser Met Ser Phe	
3640	3645	3650	
gaa gta aat ttg	gga cgc cga cgc ccc	gat tgt gtt tgt att ata	60374
Glu Val Asn Leu	Gly Arg Arg Arg Pro	Asp Cys Val Cys Ile Ile	
3655	3660	3665	
caa acg gaa tcc	agt ggt gcc gga aag	acc gtt tgt ttt ata gtg	60419
Gln Thr Glu Ser	Ser Gly Ala Gly Lys	Thr Val Cys Phe Ile Val	
3670	3675	3680	
gaa tta aaa tct	tgc cgt ttt agc gct	aat ata cat acc cct act	60464
Glu Leu Lys Ser	Cys Arg Phe Ser Ala	Asn Ile His Thr Pro Thr	
3685	3690	3695	
aag tat cac cag	ttt tgc gag ggt atg	cgc cag ctg agg gat acc	60509
Lys Tyr His Gln	Phe Cys Glu Gly Met	Arg Gln Leu Arg Asp Thr	
3700	3705	3710	
atg gct tta ata	aag gaa acc aca ccc	acg gga tct gat gaa ata	60554
Met Ala Leu Ile	Lys Glu Thr Thr Pro	Thr Gly Ser Asp Glu Ile	
3715	3720	3725	
atg gtg acc ccc	ctc ctt gtg ttt gta	tct caa cgg ggt ctg aac	60599
Met Val Thr Pro	Leu Leu Val Phe Val	Ser Gln Arg Gly Leu Asn	
3730	3735	3740	
ctg tta cag gta	act cgg tta ccc cca	aag gtg att cat gga aac	60644
Leu Leu Gln Val	Thr Arg Leu Pro Pro	Lys Val Ile His Gly Asn	
3745	3750	3755	
ctt gtt atg cta	gcg tcg cat ttg gag	aat gta gcg gaa tat acc	60689
Leu Val Met Leu	Ala Ser His Leu Glu	Asn Val Ala Glu Tyr Thr	
3760	3765	3770	
ccc ccg ata agg	tcc gtt aga gag cga	aga cgt cta tgc aaa aag	60734
Pro Pro Ile Arg	Ser Val Arg Glu Arg	Arg Arg Leu Cys Lys Lys	
3775	3780	3785	
aaa att cac gta	tgt tct ctt gcg aaa	aag cgt gcg aaa tca tgc	60779
Lys Ile His Val	Cys Ser Leu Ala Lys	Lys Arg Ala Lys Ser Cys	
3790	3795	3800	
cat cgt tcc gct	tta aca aag ttt gaa	gaa aat gca gct tgt ggg	60824



His	Arg	Ser	Ala	Leu	Thr	Lys	Phe	Glu	Glu	Asn	Ala	Ala	Cys	Gly	
			3805					3810					3815		
gtg	gat	tta	ccc	ctt	aga	agg	cct	tct	tta	ggg	gct	tgt	ggg	gga	60869
Val	Asp	Leu	Pro	Leu	Arg	Arg	Pro	Ser	Leu	Gly	Ala	Cys	Gly	Gly	
			3820					3825					3830		
att	tta	caa	agt	ata	acc	ggg	atg	ttt	tcc	cat	ggg	taa	gaaaacagct		60918
Ile	Leu	Gln	Ser	Ile	Thr	Gly	Met	Phe	Ser	His	Gly				
			3835					3840							
tttaaagcag	taccggttta	tattcacgcc	agttgacttt	gtttgctgca	gacacc	atg									60977
						Met									
acg	gcg	aga	tat	ggg	ttc	gga	tct	atc	tcg	ttt	ccg	aat	aaa	tgt	61022
Thr	Ala	Arg	Tyr	Gly	Phe	Gly	Ser	Ile	Ser	Phe	Pro	Asn	Lys	Cys	
3845					3850					3855					
ggg	ata	ttt	ttg	tct	acc	act	aag	aac	ttt	ata	gcc	ccc	aac	ttc	61067
Gly	Ile	Phe	Leu	Ser	Thr	Thr	Lys	Asn	Phe	Ile	Ala	Pro	Asn	Phe	
3860					3865					3870					
ccc	ata	cac	tac	tgg	acg	gct	ccc	gcg	ttt	gag	tta	aga	ggg	cgt	61112
Pro	Ile	His	Tyr	Trp	Thr	Ala	Pro	Ala	Phe	Glu	Leu	Arg	Gly	Arg	
3875					3880					3885					
atg	aat	ccc	gat	ttg	gaa	aaa	aat	acg	tta	acg	tta	aaa	aat	gcg	61157
Met	Asn	Pro	Asp	Leu	Glu	Lys	Asn	Thr	Leu	Thr	Leu	Lys	Asn	Ala	
3890					3895					3900					
gcg	gcc	gtt	gcc	gca	tta	gac	aac	ctt	cgc	ggg	gaa	acg	att	acg	61202
Ala	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Asp	Asn	Leu	Arg	Gly	Glu	Thr	Ile	Thr	
3905					3910					3915					
tta	cca	acg	gaa	ata	gat	cgt	cgt	tta	aag	ccc	ctc	gaa	gaa	caa	61247
Leu	Pro	Thr	Glu	Ile	Asp	Arg	Arg	Leu	Lys	Pro	Leu	Glu	Glu	Gln	
3920					3925					3930					
cta	acg	cgc	atg	gcc	aag	gtt	ttg	gat	tcc	ctg	gag	acg	gct	gct	61292
Leu	Thr	Arg	Met	Ala	Lys	Val	Leu	Asp	Ser	Leu	Glu	Thr	Ala	Ala	
3935					3940					3945					
gcc	gag	gcg	gaa	gaa	gca	gat	gca	caa	tct	gag	gaa	tgt	aca	cgt	61337
Ala	Glu	Ala	Glu	Glu	Ala	Asp	Ala	Gln	Ser	Glu	Glu	Cys	Thr	Arg	
3950					3955					3960					
aca	gaa	ata	ata	cgc	aat	gag	tct	ata	cac	ccc	gag	gta	cag	att	61382
Thr	Glu	Ile	Ile	Arg	Asn	Glu	Ser	Ile	His	Pro	Glu	Val	Gln	Ile	
3965					3970					3975					

gcc aaa aat gat gca ccg ttg cag tac gat aca aac ttt caa gtg 61427  
 Ala Lys Asn Asp Ala Pro Leu Gln Tyr Asp Thr Asn Phe Gln Val  
 3980 3985 3990

gat ttt atc acc ctg gtg tac ttg gga agg gca agg ggc aat aac 61472  
 Asp Phe Ile Thr Leu Val Tyr Leu Gly Arg Ala Arg Gly Asn Asn  
 3995 4000 4005

tct cca ggg att gtt ttc ggg cca tgg tat cgt act ctg cag gaa 61517  
 Ser Pro Gly Ile Val Phe Gly Pro Trp Tyr Arg Thr Leu Gln Glu  
 4010 4015 4020

cgg ctt gtg tta gat agg ccc gta gct gca cgc gga gtt gat tgt 61562  
 Arg Leu Val Leu Asp Arg Pro Val Ala Ala Arg Gly Val Asp Cys  
 4025 4030 4035

aaa gac ggg cgc att tcc cgt acg ttt atg aac aca acg gta aca 61607  
 Lys Asp Gly Arg Ile Ser Arg Thr Phe Met Asn Thr Thr Val Thr  
 4040 4045 4050

tgt cta cag tcc gcc ggg aga atg tat gtt gga gat aga gcg tac 61652  
 Cys Leu Gln Ser Ala Gly Arg Met Tyr Val Gly Asp Arg Ala Tyr  
 4055 4060 4065

tcc gcg ttc gag tgt gcg gta tta tgt tta tat tta atg tat agg 61697  
 Ser Ala Phe Glu Cys Ala Val Leu Cys Leu Tyr Leu Met Tyr Arg  
 4070 4075 4080

aca tct aat agt gtc cac gaa cct caa gtt tcg tcc ttc ggg aac 61742  
 Thr Ser Asn Ser Val His Glu Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Asn  
 4085 4090 4095

ctt ata gag cac cta ccg gaa tat act gag aca ttt gtg aat tat 61787  
 Leu Ile Glu His Leu Pro Glu Tyr Thr Glu Thr Phe Val Asn Tyr  
 4100 4105 4110

atg aca aca cac gaa aat aaa aac agt tat caa ttt tgc tat gat 61832  
 Met Thr Thr His Glu Asn Lys Asn Ser Tyr Gln Phe Cys Tyr Asp  
 4115 4120 4125

cgt cta cca cgc gac cag ttt cat gct cgt ggg ggg cgg tat gat 61877  
 Arg Leu Pro Arg Asp Gln Phe His Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Asp  
 4130 4135 4140

caa ggc gcc tta acg tca cat tct gtt atg gat gcg ctt ata cgg 61922  
 Gln Gly Ala Leu Thr Ser His Ser Val Met Asp Ala Leu Ile Arg  
 4145 4150 4155

ttg cag gtc cta ccg cct gca cct gga cag ttt aat cct ggg gtt 61967

Leu	Gln	Val	Leu	Pro	Pro	Ala	Pro	Gly	Gln	Phe	Asn	Pro	Gly	Val		
4160					4165					4170						
aat	gac	att	att	gat	cgc	aat	cat	acc	gca	tat	gtg	gac	aag	att		62012
Asn	Asp	Ile	Ile	Asp	Arg	Asn	His	Thr	Ala	Tyr	Val	Asp	Lys	Ile		
4175					4180					4185						
caa	cag	gcg	gcc	gcg	gcg	tat	tta	gaa	cgg	gcc	caa	aac	gtg	ttt		62057
Gln	Gln	Ala	Ala	Ala	Ala	Tyr	Leu	Glu	Arg	Ala	Gln	Asn	Val	Phe		
4190					4195					4200						
ctt	atg	gaa	gac	caa	act	cta	tta	agg	tta	aca	att	gac	acg	att		62102
Leu	Met	Glu	Asp	Gln	Thr	Leu	Leu	Arg	Leu	Thr	Ile	Asp	Thr	Ile		
4205					4210					4215						
acg	gcg	tta	tta	tta	tta	agg	cgc	tta	tta	tgg	aac	ggg	aac	gta		62147
Thr	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Arg	Arg	Leu	Leu	Trp	Asn	Gly	Asn	Val		
4220					4225					4230						
tac	gga	gat	aaa	cta	aaa	aat	aat	ttt	caa	ctg	ggt	ttg	att	gtg		62192
Tyr	Gly	Asp	Lys	Leu	Lys	Asn	Asn	Phe	Gln	Leu	Gly	Leu	Ile	Val		
4235					4240					4245						
tca	gaa	gca	aca	gga	acc	cct	acc	aac	aat	gta	atc	ttg	cgc	gga		62237
Ser	Glu	Ala	Thr	Gly	Thr	Pro	Thr	Asn	Asn	Val	Ile	Leu	Arg	Gly		
4250					4255					4260						
gcg	acg	ggg	ttt	gat	ggg	aag	ttt	aaa	agc	ggt	aat	aat	aac	ttt		62282
Ala	Thr	Gly	Phe	Asp	Gly	Lys	Phe	Lys	Ser	Gly	Asn	Asn	Asn	Phe		
4265					4270					4275						
caa	ttt	tta	tgt	gaa	cga	tat	ata	gca	cca	ctg	tat	acg	tta	aat		62327
Gln	Phe	Leu	Cys	Glu	Arg	Tyr	Ile	Ala	Pro	Leu	Tyr	Thr	Leu	Asn		
4280					4285					4290						
cgg	acc	aca	gag	ctg	act	gaa	atg	ttt	cct	gga	tta	ggt	gct	ctt		62372
Arg	Thr	Thr	Glu	Leu	Thr	Glu	Met	Phe	Pro	Gly	Leu	Val	Ala	Leu		
4295					4300					4305						
tgt	tta	gac	gcg	cat	acc	cag	ctt	agt	cgt	gga	agt	tta	gga	aga		62417
Cys	Leu	Asp	Ala	His	Thr	Gln	Leu	Ser	Arg	Gly	Ser	Leu	Gly	Arg		
4310					4315					4320						
acc	gta	ata	gat	att	tct	tct	gga	cag	tac	caa	gat	cgg	ctc	ata		62462
Thr	Val	Ile	Asp	Ile	Ser	Ser	Gly	Gln	Tyr	Gln	Asp	Arg	Leu	Ile		
4325					4330					4335						
agc	tta	att	gca	ttg	gaa	tta	gaa	cac	cgc	cga	caa	aat	ggt	aca		62507
Ser	Leu	Ile	Ala	Leu	Glu	Leu	Glu	His	Arg	Arg	Gln	Asn	Val	Thr		
4340					4345					4350						

tcc Ser 4355	cta Leu	ccc Pro	ata Ile	gcc Ala	gcc Ala	gtg Val	gta Val	tca Ser	ata Ile	cat His	gac Asp	agt Ser	gtt Val	atg Met	62552
ttg Leu 4370	caa Gln	tat Tyr	gaa Glu	cgg Arg	gga Gly	ctt Leu	gga Gly	atg Met	tta Leu	atg Met	cac His	caa Gln	ccg Pro	cgt Arg	62597
gta Val 4385	agg Arg	gcg Ala	gca Ala	ttg Leu	gaa Glu	gaa Glu	agt Ser	cgc Arg	cgc Arg	ctt Leu	gcg Ala	cag Gln	ttc Phe	aac Asn	62642
gtt Val 4400	aac Asn	agt Ser	gac Asp	tat Tyr	gat Asp	ctt Leu	cta Leu	tat Tyr	ttt Phe	gtc Val	tgt Cys	ttg Leu	ggt Gly	gtc Val	62687
att Ile 4415	cct Pro	cag Gln	ttt Phe	gcc Ala	tcc Ser	aca Thr	ccg Pro	tga	gtattcacta			tccggtccgt			62734
ggggtgttta ta atg gct gct gaa gct gac gaa gag aac tgt gaa gcg															
Met Ala Ala Glu Ala Asp Glu Glu Asn Cys Glu Ala															
4425 4430															
tta Leu 4435	tac Tyr	gtg Val	gct Ala	ggg Gly	tat Tyr	tta Leu	gcc Ala	tta Leu	tat Tyr	tca Ser	aag Lys	gac Asp	gaa Glu	ggg Gly	62827
gaa Glu 4450	tta Leu	aat Asn	att Ile	acc Thr	cca Pro	gag Glu	att Ile	gtg Val	cgg Arg	tcc Ser	gct Ala	ttg Leu	ccg Pro	cct Pro	62872
act Thr 4465	agt Ser	aaa Lys	ata Ile	cca Pro	ata Ile	aac Asn	atc Ile	gat Asp	cat His	cga Arg	aaa Lys	gac Asp	tgt Cys	gtc Val	62917
gtg Val 4480	ggt Gly	gaa Glu	gta Val	atc Ile	gca Ala	atc Ile	att Ile	gag Glu	gac Asp	ata Ile	cgc Arg	gga Gly	cct Pro	ttt Phe	62962
ttt Phe 4495	ttg Leu	ggt Gly	atc Ile	gtt Val	aga Arg	tgc Cys	cct Pro	caa Gln	cta Leu	cat His	gcg Ala	gtg Val	ctg Leu	ttt Phe	63007
gaa Glu 4510	gcg Ala	gcc Ala	cat His	tcg Ser	aat Asn	ttt Phe	ttt Phe	gga Gly	aat Asn	aga Arg	gat Asp	tct Ser	gta Val	tta Leu	63052
tct	ccg	cta	gaa	cgt	gcg	tta	tac	ttg	gtc	aca	aat	tac	tta	ccc	63097

Ser 4525	Pro	Leu	Glu	Arg	Ala 4530	Leu	Tyr	Leu	Val	Thr 4535	Asn	Tyr	Leu	Pro	
tcc	gta	tcc	ctg	tct	tca	aaa	cga	ttg	tcc	ccg	aat	gag	ata	cca	63142
Ser 4540	Val	Ser	Leu	Ser	Ser 4545	Lys	Arg	Leu	Ser	Pro 4550	Asn	Glu	Ile	Pro	
gac	ggt	aat	ttt	ttt	acc	cat	gtt	gcg	tta	tgt	gtt	gtt	gga	aga	63187
Asp 4555	Gly	Asn	Phe	Phe	Thr 4560	His	Val	Ala	Leu	Cys 4565	Val	Val	Gly	Arg	
cgc	gtt	gga	aca	gtg	gtc	aat	tat	gac	tgt	acc	ccg	gaa	tct	tca	63232
Arg 4570	Val	Gly	Thr	Val	Val 4575	Asn	Tyr	Asp	Cys	Thr 4580	Pro	Glu	Ser	Ser	
att	gaa	cca	ttc	cgg	gtt	tta	tcg	atg	gaa	agt	aaa	gcg	cgg	tta	63277
Ile 4585	Glu	Pro	Phe	Arg	Val 4590	Leu	Ser	Met	Glu	Ser 4595	Lys	Ala	Arg	Leu	
ttg	tcg	ctg	gtt	aaa	gac	tac	gcg	ggt	tta	aat	aaa	gta	tgg	aag	63322
Leu 4600	Ser	Leu	Val	Lys	Asp 4605	Tyr	Ala	Gly	Leu	Asn 4610	Lys	Val	Trp	Lys	
gtt	agc	gaa	gat	aaa	ctc	gcc	aag	gtg	tta	tta	tcc	aca	gcc	gtg	63367
Val 4615	Ser	Glu	Asp	Lys	Leu 4620	Ala	Lys	Val	Leu	Leu 4625	Ser	Thr	Ala	Val	
aac	aat	atg	ctt	tta	aga	gat	aga	tgg	gac	gtg	gtt	gca	aaa	cgt	63412
Asn 4630	Asn	Met	Leu	Leu	Arg 4635	Asp	Arg	Trp	Asp	Val 4640	Val	Ala	Lys	Arg	
aga	cgc	gaa	gcc	gga	att	atg	ggt	cac	gtt	tat	ctt	cag	gct	agc	63457
Arg 4645	Arg	Glu	Ala	Gly	Ile 4650	Met	Gly	His	Val	Tyr 4655	Leu	Gln	Ala	Ser	
acc	gga	tat	gga	ctt	gct	cgg	ata	acc	aac	gtt	aat	ggg	gtg	gag	63502
Thr 4660	Gly	Tyr	Gly	Leu	Ala 4665	Arg	Ile	Thr	Asn	Val 4670	Asn	Gly	Val	Glu	
tct	aaa	tta	ccc	aac	gcg	ggt	gtt	ata	aac	gcc	aca	ttc	cac	ccc	63547
Ser 4675	Lys	Leu	Pro	Asn	Ala 4680	Gly	Val	Ile	Asn	Ala 4685	Thr	Phe	His	Pro	
ggc	ggg	ccc	ata	tac	gat	ctc	gcg	ttg	ggt	gtt	ggg	gaa	tca	aat	63592
Gly 4690	Gly	Pro	Ile	Tyr	Asp 4695	Leu	Ala	Leu	Gly	Val 4700	Gly	Glu	Ser	Asn	
gaa	gat	tgt	gaa	aag	act	gtt	ccg	cat	tta	aag	gtt	acg	cag	ttg	63637
Glu 4705	Asp	Cys	Glu	Lys	Thr 4710	Val	Pro	His	Leu	Lys 4715	Val	Thr	Gln	Leu	



tgt Cys 4720	agg Arg	aac Asn	gac Asp	agc Ser	gat Asp	atg Met	gct Ala	tct Ser	gta Val	gca Ala	ggt Gly	aac Asn	gct Ala	agt Ser	63682
aat Asn 4735	atc Ile	tca Ser	cca Pro	cag Gln	ccc Pro	ccg Pro	tcg Ser	ggc Gly	gtt Val	cca Pro	acc Thr	gga Gly	ggg Gly	gaa Glu	63727
ttt Phe 4750	gta Val	ctg Leu	ata Ile	cct Pro	acc Thr	gcg Ala	tat Tyr	tat Tyr	tca Ser	cag Gln	ctg Leu	tta Leu	acc Thr	ggg Gly	63772
cag Gln 4765	act Thr	aaa Lys	aat Asn	ccg Pro	cag Gln	gta Val	tca Ser	att Ile	gga Gly	gct Ala	cca Pro	aat Asn	aac Asn	gga Gly	63817
cag Gln 4780	tat Tyr	atc Ile	gtc Val	ggg Gly	cca Pro	tat Tyr	gga Gly	tct Ser	cca Pro	cac His	ccg Pro	cct Pro	gcc Ala	ttc Phe	63862
cca Pro 4795	cct Pro	aat Asn	aca Thr	ggg Gly	ggt Gly	tat Tyr	ggt Gly	tgc Cys	cct Pro	ccg Pro	gga Gly	cac His	ttc Phe	ggg Gly	63907
gga Gly 4810	ccg Pro	tac Tyr	ggg Gly	ttt Phe	ccg Pro	gga Gly	tat Tyr	cca Pro	cca Pro	ccc Pro	aat Asn	cgt Arg	ttg Leu	gaa Glu	63952
atg Met 4825	caa Gln	atg Met	tcc Ser	gca Ala	ttt Phe	atg Met	aac Asn	gca Ala	ttg Leu	gcc Ala	gcc Ala	gaa Glu	cgg Arg	ggt Gly	63997
att Ile 4840	gac Asp	ttg Leu	cag Gln	acc Thr	ccg Pro	tgt Cys	gta Val	aat Asn	ttt Phe	cca Pro	gac Asp	aaa Lys	acc Thr	gat Asp	64042
gtc Val 4855	cgt Arg	cgt Arg	cca Pro	gga Gly	aaa Lys	cgg Arg	gat Asp	ttc Phe	aag Lys	agc Ser	atg Met	gat Asp	caa Gln	agg Arg	64087
gaa Glu 4870	ttg Leu	gat Asp	tct Ser	ttt Phe	tat Tyr	agt Ser	ggg Gly	gag Glu	tct Ser	caa Gln	atg Met	gac Asp	gga Gly	gag Glu	64132
ttt Phe 4885	ccc Pro	tca Ser	aat Asn	ata Ile	tat Tyr	ttt Phe	ccc Pro	ggt Gly	gaa Glu	cca Pro	acg Thr	tat Tyr	ata Ile	acg Thr	64177
cat 4895	cgg aga	aga cgt	cga gta	gta gtt	tct cca	tca tat	tgg cag	agg aga	cac cac						64222

His 4900	Arg	Arg	Arg	Arg	Val 4905	Ser	Pro	Ser	Tyr	Trp 4910	Gln	Arg	Arg	His	
aga	gtt	tct	aat	ggt	cag	cac	gaa	gag	ctt	gct	ggg	gtt	gtg	gca	64267
Arg 4915	Val	Ser	Asn	Gly	Gln 4920	His	Glu	Glu	Leu	Ala 4925	Gly	Val	Val	Ala	
aaa	ctg	caa	cag	gag	gtt	aca	gag	cta	aaa	tca	caa	aat	ggg	aca	64312
Lys 4930	Leu	Gln	Gln	Glu	Val 4935	Thr	Glu	Leu	Lys	Ser 4940	Gln	Asn	Gly	Thr	
caa	atg	cct	ttg	tcg	cac	cat	aca	aat	ata	cca	gag	ggg	aca	cgg	64357
Gln 4945	Met	Pro	Leu	Ser	His 4950	His	Thr	Asn	Ile	Pro 4955	Glu	Gly	Thr	Arg	
gat	cct	cga	ata	tcg	att	tta	tta	aaa	cag	ctt	caa	agc	gtt	tcg	64402
Asp 4960	Pro	Arg	Ile	Ser	Ile 4965	Leu	Leu	Lys	Gln	Leu 4970	Gln	Ser	Val	Ser	
ggt	cta	tgc	tca	tcc	caa	aat	aca	aca	agc	acc	cca	cat	aca	gat	64447
Gly 4975	Leu	Cys	Ser	Ser	Gln 4980	Asn	Thr	Thr	Ser	Thr 4985	Pro	His	Thr	Asp	
aca	gtt	gga	caa	gat	gta	aat	gca	gtg	gag	gcg	agt	tcc	aag	gcc	64492
Thr 4990	Val	Gly	Gln	Asp	Val 4995	Asn	Ala	Val	Glu	Ala 5000	Ser	Ser	Lys	Ala	
cct	tta	ata	cag	ggg	tcc	acg	gca	gac	gac	gcc	gat	atg	ttt	gca	64537
Pro 5005	Leu	Ile	Gln	Gly	Ser 5010	Thr	Ala	Asp	Asp	Ala 5015	Asp	Met	Phe	Ala	
aat	cag	atg	atg	gtg	ggg	cgg	tgt	taa	cca	caa	ata	aa	agt	tattac	64584
Asn 5020	Gln	Met	Met	Val	Gly 5025	Arg	Cys								
attcataaaa	ggcgtgtttg	gttttttttt	ttttgttaag	cggtgtcgtg	ttaa	acaaac									64644
agaaggcggtt	tttatgggtg	gtaagggtttt	atttaagtta	aatttaatcg	gtgtcagaat										64704
cttcatcccc	tgatgatggt	tgttctcggt	ctggaataat	atatggcgcc	atccattttt										64764
cctctgggggt	atccggaac	acacgcggga	tgcaaacca	tcgacccgtt	ataatctcca										64824
gtgccagtga	aatatgacgg	ccccctggac	atgtgtttta	gtagtcgtat	tggtgtcgc										64884
ggttaaggcg	aaaagggttc	gttgacatg	ctcgacaggt	tagctgtccc	acagaacata										64944
cgtctcgggg	tgtaccgtcg	cggggttaatt	gtaccggcgt	gtgttctaac	ctatcttcat										65004
aatcgcggg	gggagaatct	tttactgttt	cattgagact	tgaagcgcac	tgtttggacg										65064

gatgatgtgc gatagacgac ggttgttgta gcgcgttaat gttagacgat tccataataa 65124  
ccccgttaag atatcgggtg cggtagaggt acaaaacgcg ttttgtatat tatcgggtat 65184  
aaataccccc tgtgatgcgt aatggagaca catgagtaac gtaatacaca tttttattaa 65244  
taaattaaaa caaacccctt ggctatttac acccccgtaa cattctcggg gcgaacacgg 65304  
gagtatcctc ggcgatttcg taaagcaagg ccggtaaagac gtgaagttaa aagggcgcta 65364  
gtcttatttt ttttgcgggc tttagattct tggcgctcag ccgcagatac taacgtcata 65424  
tatttaatca tttcctgggc ttctcgaaat ttatcgggat caaacccgct atttaccgac 65484  
ggttcagtgt tttgtgagtc gccaatcttct tctattgggg tatcagtagc gttgggtttc 65544  
tcggcaaagg gatccattcc ttccggtaac tgttttaacc ctttggttgt gagtggatat 65604  
aatgccttca tcgggcttgt ttttaagtta agcacgtacc ggtacgcaaa aaaggccgct 65664  
accagtcccg ccaaaaccaa taatcccacg gccaatgccc caaatgggtt agataaaaac 65724  
gtggtaaadc cgtgtacggg ggaaagcagc gctcccgtgg cccaagaac cacatgtcca 65784  
acggcctggc ccgcgggtccc aagtccttgg aaaaactgag ccatgccctg cataatggcc 65844  
gttccgctat catattgcac aaccttgtct atgtcataaa aacgcagcga atgcatttga 65904  
tttcggcggt gaatttcact gtagtctagt aatcctgtat cccgcagctc gtctcttgta 65964  
tatacttgca gcggcataaa ctctctatct ttaagaagtg ttaagtttaa atctacgtaa 66024  
gtgctaatac ttcccacatc atggactgcg atttcacgga cgtaacgata atcctcataa 66084  
tatacgtagt gatgccc aaa tagaaaatat cgcttgatgat tagccacgca tggttctaac 66144  
agatctctgg acataattaa ctcgttatct gttccaagct ggccctccac cgtcccggac 66204  
ccatttaaac taactattga aattaaagga cggctataac aacgcgtagt actaccagat 66264  
accctcatag agttttgaag tataatgcgt gtatctgac ccagttctgg acaattagaa 66324  
acggagataa cgtcgccgag aatacagact ttaacacgtt gatccaaaat ggtgctcgct 66384  
aaagcacttg ggttaattgg aaatagtcg ctccaaaggg cgcgttcgcg atttttagc 66444  
tggcaccacg acgaggagat acgtgccaac atttcattaa catgctcttg aatgtggtca 66504  
tatgtaaact ggagcatagc aaattccacc gatgaggtgg ttgttattgt tctattggca 66564

cgcaactcaa ctggcacgct tcgtcgggat ctggtatttc gagtcgggtg tttttgtggt 66624  
gaatgattag tgttttcacg gaccaattct tggagataga gacgggag ggaattgctc 66684  
agcaggggtt gaaacaccac aacaaacccc cctctggcaa ggtaggtctg gatatccccg 66744  
gttctaacad gagatgagtt gtatctggtt gtatagatcc ggttaataat agcccgggct 66804  
tcctccttta cacattgact gagatggatt tggttaagat taaactcgtt tgtttcactt 66864  
ataaacgtgg tagaaagtgt tttcattgta aagcgaaaat tgtgtgcata ctcacgcga 66924  
actacgtctt caacctcacg ccacttgaca agcgaacaaa cttccgttcg ttttggttc 66984  
cagttccaac caaccgttaa atgaggcgtg actaaaaagt tccgcgctgc aggttccagt 67044  
aatgctctag tgtcaagatc cttttgtcta taacctcaa actggtgaaa acgatccatt 67104  
gcataattgg aatgttctct gtatgcacca tcccgtaggc caaaaacgg ggacatgtat 67164  
attatatctc ccgtggaaag tccaaaacta tcataaggga atattgatct ggcttcaact 67224  
tcctcaatga tgcaattcac cgacgtgcc gtcctatatg ttccgggggt tccggcaacc 67284  
atgtacgtgt cattggtagt atgcatgct ttggatccca cagaattata ttttgatgcg 67344  
attagaggca tatcctgtgg atttttatcc tcattaaagg cttcaacttt gtggttattt 67404  
cgtacgtacg ttgctttaga agaacacttg ccaacttat caatgggtgc cgtgatctct 67464  
gaaacgggaa ttggtaccct atccgcatat ctattagtaa tttgcgtata agaacttccg 67524  
gccacgccg tgctaacgat aacatctttg taatataccg tcgccttaaa cttgtacgct 67584  
gcaatgtttt ctttataaac aacagcaata ccctctgtaa agtttttacc aaggtgataa 67644  
tccggacatg tccgagttgg ttctaactgt acgattgtgg agcctgttgg cgggtgggcag 67704  
acgtaaaacg tgggttttgt ttccggcgtc tgggacttgt gtatagcttc tctgatttca 67764  
tcaccatcgc ccagatgagc agaccgggtt atatcttctg attgtgtggg ctctacttgt 67824  
aaactctcat aaaacgagct tggagagacc gacacaaccg ccgtaacaaa catagaaaat 67884  
atgcataaaa agcataacca ccccccgta acggagggtta tgaaaacgcc ggggtccgtt 67944  
aatccggagc cagccgctgc attagggtgt atagaagaga aaaaacgtct gaatcgtaga 68004  
ttacgacggt attctggtcg atccctgttt ctccactttg aataatagcc acaaggggac 68064



atgtttcttc gtacgttaaa taaatgccgt ctaagggtcc gtgggaactg cctatacctt 68124  
taggttgaga cgtgcacccg cgtggatcct tacctagacg gtcaacgcga cataaccgca 68184  
cctccccaca atggaaaaca gaggtgaata gtgtggttgc aaacacaagc tccctaatat 68244  
atttccaggc aagtctctgt gcaaaagtaa cgccttctac cccagaaaag caataaaagc 68304  
ccctaaatgg actgagaagc cagttggaac caacgacacc gcccataaac ttgccaatt 68364  
cctcttttaa gtgcggaaat aggccaacgt tttccacggt aaaaaataag gcggtgttag 68424  
ggggttgtgc aaaacggtgt tcatcgtgat taaacaatgg gccgttgacc aactcaaaaa 68484  
atttatgtgt aagtcaggt aacatagccg catctactgt atgtcgaact aaggtattcc 68544  
ttataaatct atgtgcatca aaggccgctt cctgaatgcg attgtcgata atacaccctg 68604  
cctgggaaac cttagctaaa aacacgtttc gtgccccaaa cccattttgc atcgaaacaa 68664  
atgtctgcaa taaggcctct ccataaacgt ttaccctgag tgttttttct agctcttggc 68724  
gctgttcgcg gatacatcta ccgaggctgg ttagagagcg cttagacaga tgttcaagat 68784  
atactcgttt tctttccgca gcgtcaattt ttgctttgga taacaggttt tcccatccat 68844  
gaacagcaaa agttatgcta ctatcatcgt tcagatcaca ttcggatgct gtagcgctgt 68904  
cactcgcctc ttgggttaaa tcatcctcac acccaactct ttctaaaagt tggcgtaagg 68964  
cggcttcgtt atcatgactc gggttagaaa tgtgacgcat gagaggcgac gatagatgat 69024  
gggcataaca ggctttaatt aatgcttcta tctgactgtc tggtgaggat gagcgattgc 69084  
caaccaaatt actatcaatt gcatccagag atccgagttc ttcagaaaac gccctatcaa 69144  
agtgtatggg agtttttcca aataacgcca actcaaccgt tacggctgta agttctgcgt 69204  
gtttttcatg ttcgtttaat acatccaaat tatcaacaaa cacgtctaaa gtacgttggg 69264  
gtccttcagt ggaattagac gttaaccaga atttaagctc gctgatggcg tacatacacc 69324  
gaggggcagg tttaaaaaca ttataagaat caagcatggt gctcgcaatt tcgtatgttt 69384  
ggtcaaacgt atcgttcttt gctcccatgg gattgactac cgtcttgggt tgaagtgttc 69444  
gtaacgcttc aacggcggat tgacgtttga tatccggtac atcagggata tatggtaaac 69504  
accgaataat atcgtcaaca tccacgttaa cccgaacttg cttagtaacg tgatcgcaga 69564



tacatcctaa taatctacga tgtaaggtct caccttggtt agctgttata cataattctt 69624  
caaaacatat agcacatgga tgcgccggat caaacaactc cacgggtggt attagaccgc 69684  
ttcctatagt atctgtcata aaccgcgtca cggtttccaa tgtgttttagc gcctcacgag 69744  
aagacgtgat aatatagcag taattaagct gttttaaaaa attctcaatg tcgtgtaaaa 69804  
actgaatttc actcgatacg taacctccgt atgttggtta cgacagctca tggatgatatt 69864  
ggcagggtttt taagttaaac gctgagacaa agtaatcttt gatacagttt gagtcttttag 69924  
tctcaccata aacaaaacgc gttttaaaat gttgtagcaa ctcaaacaaa cgctcacctt 69984  
ctccctttac ataacataat gcccaatgca gtgcacaaac cgtgggagtg tttccaaatt 70044  
ttagctgggt attaaatccc cggagaaaca gctttaataa ataacgaact gtcaaacagt 70104  
tagccgctaa ccgatataaa aagcgacacg ccacccttgg atcacatcga cgtagcagtt 70164  
caacctgaaa gatgtacgta taaacttgac ccagtagaac caacaatgtt cgattaatat 70224  
ccaattccat gttatcgggc tgttactgtc cactggactg taagctgaat ggttggagac 70284  
acactatatt acaggtcata tgggtaagga ctacacacaa aaaaagaaaa cacaacagaa 70344  
tatgtaatat tgacttgttt attacgtaca ctcacccgcg tgtgggcttt aattggataa 70404  
agagggaggt taaatcattt ccattgtaat gttcccatgt tttatgggaa taccactaag 70464  
atcaaagagt tcgtcatctt cgggggggtcg ttttaagacca gggacagttg accctgaaat 70524  
gtttgaccct gaaatgttta atacgttaga tgtggtgtca tggcttggtt cacaagaatc 70584  
aaaattaaat gctaggtttg tgggggtttc cccatctccc gctgtcgttt tttcatctag 70644  
aatctttact gcttctagag cgccttctac ggtccagggc gtttccaggg tttggataat 70704  
ctggtcgtgt aactcctcca agtctctggc taaaaactca tcgtctgtaa gacttaacca 70764  
gtcgtcaaat gccatatgtt gtgctcgagc gccactgca cgcacaaccg tggcgtatat 70824  
ggctaattga accatggccc cgccactgac aattataccg cgaacttggt cggatagggt 70884  
ggtttctcga tttcccgacg agggacctgt tacggggcag ataaaacctc ctctaggaca 70944  
tgctattata aaacggcgag tgcgatcaaa tgtaaatagc gggcatacat ttttaccccc 71004  
gtttaaacgc ctccaattcc ctgcctgaaa gacgcggttg tttcctgccg ctccgtgata 71064

tttactaatg cttattccta aaacgaccat gggacgttga ttcattggccg cgcggactaa 71124  
atgagttgaa gtaaaagccg tagtccataa ttccggttaag ttttccgttt tttcaagaag 71184  
cgcctttgct tgggttttcta tgtccgcggc ggacgtgaca tctttacgaa tccaatgcaa 71244  
aacggatgat gggtcacgcg ggcgccctggc acccgtaatt atagaagtta aggtatttat 71304  
aaggtactgt gaatgatcgc agtatattaag aataagattt gccatataaa actgggctaa 71364  
ttctcctatg caggttgggg gtagattaat aaagtttatt gctgcatatt cctcggtaaa 71424  
ccgtttaaca gctgcaatag tggtaatctc ttcgtgtgta agtttatctg ccggcatctg 71484  
gttgcgttgt aacagggtcc aaaaccactg cgggttgggg gatttactgt ttggtggcat 71544  
accccgagga aataacaggc cgtgaaactg ttttaagcaaa aaccctaggg ccccggtgtaa 71604  
catatccact cttttttctt ggcggttgga cgcacttgca aggcctacaa gccttgcccg 71664  
ggctgcctca gagagatttg tacagttacc tgaaaaaacg accctatatt taactcgtat 71724  
atcccgaata acttccacgc ttacgcgcgc taaatcccca tcaaaggtac gccccgcggg 71784  
cgcgtcttgt cccaatgtcg gatttggggc ggatacagga ccttcagata atgttacggt 71844  
tatagagcgt gttgatataa accccccatt aaacaggtca acaaaacgcc gccgcaaac 71904  
aggttgggaat tggttacgaa agttccgccc ctcaacttgc tgtccgtaaa atacacaatg 71964  
acattggctt aatgctaagt cttgtaccac ggctaggtgt gttcgtttaa ctaaaaaatt 72024  
ggtaatggga caaatgctc ctgagtatgg atcaaacgtt aacgccattg aatgggtggc 72084  
ttcggataat ccttcacgga tcttataatc gcgggtctca accaacactt tcataaattg 72144  
tgttgttgtc tgttctatac gcgcacgcag tgtgtctaata atgcgacgaa acgttggtatg 72204  
atccacaatg acagacgata gtccctcgga agaacatggg gcaccgcgat ccagtagtcg 72264  
ctcttgttct agatcgataa acaagcgttc tagtgtagcc ctataagtgt cctgcatggt 72324  
tgcctttgct gcttccgttt gatccccggg ttttcgaagg attaaatatg gagcatagtt 72384  
tcctagagga tcgcagtcgc tatattggct gttcattgtt ccaaacaccc caataggttg 72444  
acgggtggct tgtccaaatc gcggcatgcg ttgtctaagt cgggtgtactg ttgtgtgagc 72504  
gcataccggc cgcgtgtgtt tttcacataa actacatgga atttcagagt caaaggtccc 72564

cgtaacatat tttaacgcat ccccgtagacc ccctgtaaac gcaccagcgt cacagcggttc 72624  
tagataaaaa agcagtcgcg ccaacagggg tgctccaaat ccacaaatga gtgccaaata 72684  
atccacgcta aactctgtgt ttgatgaacc cgtagactga ctggatagaa cgtggccatc 72744  
tcgatctgtt tggggattcg cagctaaatg aggtccggca aactggtaaa atcgattaaa 72804  
tgatggaccc ggtccccat ccttggcttc ggtcatcccg ctatcctcca cctcagttag 72864  
atacaacgca gaatttgggc tgaaaacat cgcaccaatg accccggcca cacgagcggc 72924  
atatgacccc agagcggtta gccttggcaa agtgccctcc atgcctataa acattggcca 72984  
ttctttgata tctgttggag tttcttcgta aattccagtg ttgaatataa cttctgcgtg 73044  
caaggctgtg tcagcggcca taatagacgc caaccgtctt tcaaaccccc ccgatgggct 73104  
aggcttagac gtggagtga catcgtttcg acgcgtcca cgggcggtag tggttccact 73164  
tgaagaggac tgaaaatacg tgtacgtaat gtcagggggg agtactgcc cctcgtgatt 73224  
ttcatcaaaa gcaagggtgg ccgctcctcg ggcgacggca gttacatttc tgacgcgcaa 73284  
ggcaacggcc atgggagcaa taacacagtc atgtattaaa tggcacaacc cgggtgttata 73344  
aaagggtgtt gggtatacaa aaccctctcc gatagacctg tgatgagtgt tgaatgggtc 73404  
gggtaccaga cggttaacat cgggcatgaa aagttgtacc ggaaataacg gtatacgtat 73464  
aacatcccca tggttaatat gaacaatc gagtcctcca taatgcagaa acacgttgca 73524  
cataaatacg gcttccttaa acaatgccgt gaccaccaag tataatattg tattttctgg 73584  
ctctaatacca aggcgggtgc atatctcagc gccggtcgtc tcaacagcac cgtcaacagg 73644  
aggcccttgg cagcgtgaaa acccaaaccg ttctcgagcc gcgttacacg cgcgtgtgag 73704  
atttggggcc gcggagctgg gtaaaacgtg ttgcctccg tgaaagacaa agacagatgg 73764  
atagaaatga ctggtagtga gttttaaggt aataccagct ccggcaagac ccgtagtgcg 73824  
tgctccagaa accaccgcca ggctggatgt aaaagttttt tccacgggtca aattacgcat 73884  
caaaggtaat aaagccaaat cagagtccgt gctacgagcg gccaaaaatg aaatttcctc 73944  
cagatccaaa tcttcaaccc ggcacgcata aacgtaaccc aggggccccg tgggcactgt 74004  
cacagtcttc tgagtatttt ccattttggt gaagtactcg taataatggg gggttggttg 74064

caggggtcaaa tgaccaccca aaacccagtc tgtcgataca ttaagaagag aggcttttaa 74124  
 acgggtatta catatgcgga aaccacaaca aatcacgtga ttacacttta tgtattagaa 74184  
 gggcgtgggg ttgtgttact cagtaacact ggcttttttac aagattatca atcgттаaca 74244  
 taaa atg gcg atc aga acg ggg ttt tgt aat ccc ttt tta acc caa 74290  
 Met Ala Ile Arg Thr Gly Phe Cys Asn Pro Phe Leu Thr Gln  
 5030 5035 5040  
 gca tca ggg att aaa tat aac cca aga acc ggg cgc ggt agt aac 74335  
 Ala Ser Gly Ile Lys Tyr Asn Pro Arg Thr Gly Arg Gly Ser Asn  
 5045 5050 5055  
 aga gaa ttt ctt cat agt tac aaa act acc atg tca tcg ttt caa 74380  
 Arg Glu Phe Leu His Ser Tyr Lys Thr Thr Met Ser Ser Phe Gln  
 5060 5065 5070  
 ttt ttg gcc cct aaa tgt tta gat gaa gat gtg ccc atg gaa gaa 74425  
 Phe Leu Ala Pro Lys Cys Leu Asp Glu Asp Val Pro Met Glu Glu  
 5075 5080 5085  
 cga aag ggg gtt cac gtc ggt aca ctt agt cga ccg cct aaa gtt 74470  
 Arg Lys Gly Val His Val Gly Thr Leu Ser Arg Pro Pro Lys Val  
 5090 5095 5100  
 tac tgt aat gga aaa gaa gtt ccg att ctg gat ttt cgt tgt tcc 74515  
 Tyr Cys Asn Gly Lys Glu Val Pro Ile Leu Asp Phe Arg Cys Ser  
 5105 5110 5115  
 agc ccc tgg cct aga cgc gtg aat att tgg ggg gaa atc gac ttt 74560  
 Ser Pro Trp Pro Arg Arg Val Asn Ile Trp Gly Glu Ile Asp Phe  
 5120 5125 5130  
 cgt ggg gat aag ttt gac ccc cgc ttt aac aca ttc cat gta tat 74605  
 Arg Gly Asp Lys Phe Asp Pro Arg Phe Asn Thr Phe His Val Tyr  
 5135 5140 5145  
 gat att gtc gaa aca aca gaa gcc gcg tct aat gga gat gta tcc 74650  
 Asp Ile Val Glu Thr Thr Glu Ala Ala Ser Asn Gly Asp Val Ser  
 5150 5155 5160  
 cgg ttt gca act gca aca cga ccg ctt ggt acc gtt att act tta 74695  
 Arg Phe Ala Thr Ala Thr Arg Pro Leu Gly Thr Val Ile Thr Leu  
 5165 5170 5175  
 ctt ggc atg tcc cga tgt gga aaa agg gtg gca gtt cat gta tac 74740  
 Leu Gly Met Ser Arg Cys Gly Lys Arg Val Ala Val His Val Tyr  
 5180 5185 5190



ggc atc tgt caa tat ttt tat ata aac aaa gcc gag gtg gat acc	74785
Gly Ile Cys Gln Tyr Phe Tyr Ile Asn Lys Ala Glu Val Asp Thr	
5195 5200 5205	
gct tgt ggc ata cgt tcc ggt agc gag tta tct gta tta ctt gcc	74830
Ala Cys Gly Ile Arg Ser Gly Ser Glu Leu Ser Val Leu Leu Ala	
5210 5215 5220	
gag tgt tta cgc agt tct atg ata aca caa aat gat gca acg tta	74875
Glu Cys Leu Arg Ser Ser Met Ile Thr Gln Asn Asp Ala Thr Leu	
5225 5230 5235	
aat gga gac aag aac gct ttt cat ggt acc tcg ttt aaa agc gca	74920
Asn Gly Asp Lys Asn Ala Phe His Gly Thr Ser Phe Lys Ser Ala	
5240 5245 5250	
tct cca gaa agc ttt cgc gtt gag gtt att gag cgc aca gat gtt	74965
Ser Pro Glu Ser Phe Arg Val Glu Val Ile Glu Arg Thr Asp Val	
5255 5260 5265	
tat tac tac gat aca cag cca tgt gcg ttt tac agg gtg tat tct	75010
Tyr Tyr Tyr Asp Thr Gln Pro Cys Ala Phe Tyr Arg Val Tyr Ser	
5270 5275 5280	
ccc tca tct aaa ttt aca aat tat ctt tgt gat aac ttt cac ccg	75055
Pro Ser Ser Lys Phe Thr Asn Tyr Leu Cys Asp Asn Phe His Pro	
5285 5290 5295	
gag ttg aaa aag tat gaa ggt cgg gta gac gct acc act cgt ttt	75100
Glu Leu Lys Lys Tyr Glu Gly Arg Val Asp Ala Thr Thr Arg Phe	
5300 5305 5310	
cta atg gat aat ccc ggc ttt gtt agt ttt ggt tgg tat caa cta	75145
Leu Met Asp Asn Pro Gly Phe Val Ser Phe Gly Trp Tyr Gln Leu	
5315 5320 5325	
aaa cct gga gtt gat ggg gaa cgt gtt cga gtt cga ccg gca agt	75190
Lys Pro Gly Val Asp Gly Glu Arg Val Arg Val Arg Pro Ala Ser	
5330 5335 5340	
cgc caa tta acg tta agc gac gtt gaa att gac tgc atg tcg gat	75235
Arg Gln Leu Thr Leu Ser Asp Val Glu Ile Asp Cys Met Ser Asp	
5345 5350 5355	
aat ctg cag gct ata cca aac gat gac tca tgg cct gac tac aag	75280
Asn Leu Gln Ala Ile Pro Asn Asp Asp Ser Trp Pro Asp Tyr Lys	
5360 5365 5370	
ttg tta tgt ttc gat att gaa tgt aaa tca gga gga tct aat gag	75325



Leu	Leu	Cys	Phe	Asp	Ile	Glu	Cys	Lys	Ser	Gly	Gly	Ser	Asn	Glu	
		5375						5380					5385		
ctg	gcg	ttt	ccc	gat	gca	aca	cat	ctg	gag	gat	ctt	gta	atc	caa	75370
Leu	Ala	Phe	Pro	Asp	Ala	Thr	His	Leu	Glu	Asp	Leu	Val	Ile	Gln	
		5390						5395					5400		
att	tct	tgt	cta	tta	tat	tca	atc	cct	cga	cag	tct	tta	gaa	cac	75415
Ile	Ser	Cys	Leu	Leu	Tyr	Ser	Ile	Pro	Arg	Gln	Ser	Leu	Glu	His	
		5405						5410					5415		
att	tta	ctg	ttt	tcc	ctt	ggc	tct	tgt	gac	tta	cca	caa	agg	tat	75460
Ile	Leu	Leu	Phe	Ser	Leu	Gly	Ser	Cys	Asp	Leu	Pro	Gln	Arg	Tyr	
		5420						5425					5430		
gta	caa	gaa	atg	aag	gac	gcg	ggg	tta	ccg	gag	ccg	act	gtg	ctg	75505
Val	Gln	Glu	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Leu	Pro	Glu	Pro	Thr	Val	Leu	
		5435						5440					5445		
gag	ttt	gat	agt	gaa	ttc	gag	cta	tta	att	gca	ttt	atg	acc	ctc	75550
Glu	Phe	Asp	Ser	Glu	Phe	Glu	Leu	Leu	Ile	Ala	Phe	Met	Thr	Leu	
		5450						5455					5460		
gta	aaa	cag	tac	gct	ccc	gag	ttt	gcc	aca	ggt	tat	aac	att	gtt	75595
Val	Lys	Gln	Tyr	Ala	Pro	Glu	Phe	Ala	Thr	Gly	Tyr	Asn	Ile	Val	
		5465						5470					5475		
aat	ttt	gat	tgg	gcg	ttt	att	atg	gag	aaa	ctt	aat	tct	ata	tac	75640
Asn	Phe	Asp	Trp	Ala	Phe	Ile	Met	Glu	Lys	Leu	Asn	Ser	Ile	Tyr	
		5480						5485					5490		
agt	ctc	aag	ctt	gat	ggt	tat	ggc	agt	ata	aac	cgt	ggg	ggt	ctg	75685
Ser	Leu	Lys	Leu	Asp	Gly	Tyr	Gly	Ser	Ile	Asn	Arg	Gly	Gly	Leu	
		5495						5500					5505		
ttt	aag	ata	tgg	gat	gtt	ggc	aaa	tcc	gga	ttt	cag	cga	cga	agc	75730
Phe	Lys	Ile	Trp	Asp	Val	Gly	Lys	Ser	Gly	Phe	Gln	Arg	Arg	Ser	
		5510						5515					5520		
aag	gta	aag	atc	aac	ggt	ctc	ata	tct	ctg	gat	atg	tat	gca	att	75775
Lys	Val	Lys	Ile	Asn	Gly	Leu	Ile	Ser	Leu	Asp	Met	Tyr	Ala	Ile	
		5525						5530					5535		
gca	act	gaa	aaa	tta	aaa	ctc	tcg	agt	tat	aaa	tta	gat	tcg	gtt	75820
Ala	Thr	Glu	Lys	Leu	Lys	Leu	Ser	Ser	Tyr	Lys	Leu	Asp	Ser	Val	
		5540						5545					5550		
gca	cgt	gaa	gct	cta	aat	gag	tcc	aag	aga	gat	ttg	ccc	tac	aaa	75865
Ala	Arg	Glu	Ala	Leu	Asn	Glu	Ser	Lys	Arg	Asp	Leu	Pro	Tyr	Lys	
		5555						5560					5565		

gac att ccg gga tat tac gct agt gga ccg aat aca cga gga att	75910
Asp Ile Pro Gly Tyr Tyr Ala Ser Gly Pro Asn Thr Arg Gly Ile	
5570 5575 5580	
att ggt gaa tat tgt ata caa gac tcg gct ctt gtg ggg aaa ctg	75955
Ile Gly Glu Tyr Cys Ile Gln Asp Ser Ala Leu Val Gly Lys Leu	
5585 5590 5595	
ttt ttt aaa tat tta cca cac ctt gag tta tcc gcg gtt gca agg	76000
Phe Phe Lys Tyr Leu Pro His Leu Glu Leu Ser Ala Val Ala Arg	
5600 5605 5610	
cta gct aga att act tta acc aag gct att tac gac gga cag cag	76045
Leu Ala Arg Ile Thr Leu Thr Lys Ala Ile Tyr Asp Gly Gln Gln	
5615 5620 5625	
gtt agg att tac acc tgt tta tta gga ctg gct tcg tct cga gga	76090
Val Arg Ile Tyr Thr Cys Leu Leu Gly Leu Ala Ser Ser Arg Gly	
5630 5635 5640	
ttt att tta ccc gat ggg gga tac cca gct act ttt gaa tat aag	76135
Phe Ile Leu Pro Asp Gly Gly Tyr Pro Ala Thr Phe Glu Tyr Lys	
5645 5650 5655	
gat gtt att ccc gat gtc ggg gat gtt gag gaa gag atg gat gaa	76180
Asp Val Ile Pro Asp Val Gly Asp Val Glu Glu Glu Met Asp Glu	
5660 5665 5670	
gac gag agc gtt tct ccc act ggt acg tca agt ggg cga aat gta	76225
Asp Glu Ser Val Ser Pro Thr Gly Thr Ser Ser Gly Arg Asn Val	
5675 5680 5685	
gga tat aaa gga gcc agg gtt ttt gac cct gat acg gga ttt tat	76270
Gly Tyr Lys Gly Ala Arg Val Phe Asp Pro Asp Thr Gly Phe Tyr	
5690 5695 5700	
atc gat ccg gtg gtc gta ttg gat ttt gca agt tta tat cca agt	76315
Ile Asp Pro Val Val Val Leu Asp Phe Ala Ser Leu Tyr Pro Ser	
5705 5710 5715	
ata att cag gcc cat aac tta tgt ttt acc acg cta acg tta aat	76360
Ile Ile Gln Ala His Asn Leu Cys Phe Thr Thr Leu Thr Leu Asn	
5720 5725 5730	
ttt gag acg gtt aaa cgt ttg aat cca tcc gat tat gcc acc ttt	76405
Phe Glu Thr Val Lys Arg Leu Asn Pro Ser Asp Tyr Ala Thr Phe	
5735 5740 5745	
aca gtt gga gga aaa cgt ctt ttt ttt gtg cgc tct aac gtt cga	76450

Thr Val Gly Gly	Lys Arg Leu Phe Phe	Val Arg Ser Asn Val Arg	
5750	5755	5760	
gaa agt ctg ctg	ggt gtt ctt tta aaa	gac tgg ttg gct atg cgc	76495
Glu Ser Leu Leu	Gly Val Leu Leu Lys	Asp Trp Leu Ala Met Arg	
5765	5770	5775	
aag gct att aga	gcg cgc ata ccc gga	agt tct tca gat gaa gca	76540
Lys Ala Ile Arg	Ala Arg Ile Pro Gly	Ser Ser Ser Asp Glu Ala	
5780	5785	5790	
gtg tta tta gac	aaa caa caa gcc gcg	ata aaa gta gtt tgt aat	76585
Val Leu Leu Asp	Lys Gln Gln Ala Ala	Ile Lys Val Val Cys Asn	
5795	5800	5805	
tcc gtg tac ggt	ttt act gga gtt gcg	cag gga ttt ctg cca tgt	76630
Ser Val Tyr Gly	Phe Thr Gly Val Ala	Gln Gly Phe Leu Pro Cys	
5810	5815	5820	
tta tac gta gcg	gcc act gtc act aca	att ggc cgt caa atg tta	76675
Leu Tyr Val Ala	Ala Thr Val Thr Thr	Ile Gly Arg Gln Met Leu	
5825	5830	5835	
tta agt acc aga	gat tat att cat aat	aac tgg gcc gca ttt gaa	76720
Leu Ser Thr Arg	Asp Tyr Ile His Asn	Asn Trp Ala Ala Phe Glu	
5840	5845	5850	
cgt ttt att aca	gcg ttt cca gac att	gaa agt agc gtt ctc tcc	76765
Arg Phe Ile Thr	Ala Phe Pro Asp Ile	Glu Ser Ser Val Leu Ser	
5855	5860	5865	
caa aaa gcg tac	gag gta aag gtt ata	tat gga gat acg gat tct	76810
Gln Lys Ala Tyr	Glu Val Lys Val Ile	Tyr Gly Asp Thr Asp Ser	
5870	5875	5880	
gtg ttt atc cga	ttc aag ggt gtt agt	gtt gag ggg ata gct aaa	76855
Val Phe Ile Arg	Phe Lys Gly Val Ser	Val Glu Gly Ile Ala Lys	
5885	5890	5895	
atc ggc gag aaa	atg gca cat ata att	tca acg gct ctg ttt tgt	76900
Ile Gly Glu Lys	Met Ala His Ile Ile	Ser Thr Ala Leu Phe Cys	
5900	5905	5910	
cct cct ata aag	ttg gag tgt gaa aaa	act ttt ata aaa ctt ttg	76945
Pro Pro Ile Lys	Leu Glu Cys Glu Lys	Thr Phe Ile Lys Leu Leu	
5915	5920	5925	
ctt ata aca aag	aaa aag tac att ggg	gta att tac ggc gga aag	76990
Leu Ile Thr Lys	Lys Lys Tyr Ile Gly	Val Ile Tyr Gly Gly Lys	
5930	5935	5940	

gtt tta atg aag	gga gtc gac ttg gtt	aga aaa aac aac tgt	caa	77035
Val Leu Met Lys	Gly Val Asp Leu Val	Arg Lys Asn Asn Cys	Gln	
5945	5950	5955		
ttt att aac gat	tat gcc cgc aaa ctt	gta gaa ctg ttg tta	tat	77080
Phe Ile Asn Asp	Tyr Ala Arg Lys Leu	Val Glu Leu Leu Leu	Tyr	
5960	5965	5970		
gac gac acc gtc	tcg cgt gct gcg gcg	gag gcg tcg tgt gtt	tcc	77125
Asp Asp Thr Val	Ser Arg Ala Ala Ala	Glu Ala Ser Cys Val	Ser	
5975	5980	5985		
att gct gaa tgg	aat aga cgg gcc atg	ccg tct ggg atg gcc	ggg	77170
Ile Ala Glu Trp	Asn Arg Arg Ala Met	Pro Ser Gly Met Ala	Gly	
5990	5995	6000		
ttt gga cgc ata	att gca gat gca cat	cgc cag att aca tca	ccc	77215
Phe Gly Arg Ile	Ile Ala Asp Ala His	Arg Gln Ile Thr Ser	Pro	
6005	6010	6015		
aaa ttg gat att	aat aag ttt gtt atg	acg gcc gag ctt agt	cgt	77260
Lys Leu Asp Ile	Asn Lys Phe Val Met	Thr Ala Glu Leu Ser	Arg	
6020	6025	6030		
cca cca tcc gcc	tac ata aac cgt cgc	ttg gct cac tta aca	gta	77305
Pro Pro Ser Ala	Tyr Ile Asn Arg Arg	Leu Ala His Leu Thr	Val	
6035	6040	6045		
tat tat aaa tta	gta atg aga cag ggt	caa atc cca aac gtt	cga	77350
Tyr Tyr Lys Leu	Val Met Arg Gln Gly	Gln Ile Pro Asn Val	Arg	
6050	6055	6060		
gaa cgc atc cct	tat gtt att gtg gcc	ccc aca gac gaa gtg	gag	77395
Glu Arg Ile Pro	Tyr Val Ile Val Ala	Pro Thr Asp Glu Val	Glu	
6065	6070	6075		
gct gat gca aaa	agt gta gct ttg cta	cgt gga gat cct tta	cag	77440
Ala Asp Ala Lys	Ser Val Ala Leu Leu	Arg Gly Asp Pro Leu	Gln	
6080	6085	6090		
aat acc gca ggt	aaa cgg tgt ggg gaa	gca aag cgt aag tta	ata	77485
Asn Thr Ala Gly	Lys Arg Cys Gly Glu	Ala Lys Arg Lys Leu	Ile	
6095	6100	6105		
ata tct gac tta	gcg gaa gat ccc att	cac gta aca tca cac	ggg	77530
Ile Ser Asp Leu	Ala Glu Asp Pro Ile	His Val Thr Ser His	Gly	
6110	6115	6120		
ctg tct tta aac	att gac tat tat ttt	tct cat ctc att ggg	acg	77575

Leu Ser Leu Asn Ile Asp Tyr Tyr Phe Ser His Leu Ile Gly Thr	
6125 6130 6135	
gcg agt gta act ttt aag gcg tta ttt gga aac gac act aaa ctc	77620
Ala Ser Val Thr Phe Lys Ala Leu Phe Gly Asn Asp Thr Lys Leu	
6140 6145 6150	
aca gaa cgg ctt tta aaa cgt ttt att cca gag aca cga gtt gtt	77665
Thr Glu Arg Leu Leu Lys Arg Phe Ile Pro Glu Thr Arg Val Val	
6155 6160 6165	
aac gtt aaa atg cta aac cgc ttg cag gcg gca ggc ttt gtt tgt	77710
Asn Val Lys Met Leu Asn Arg Leu Gln Ala Ala Gly Phe Val Cys	
6170 6175 6180	
ata cac gcc ccg tgc tgg gat aat aaa atg aac act gaa gct gaa	77755
Ile His Ala Pro Cys Trp Asp Asn Lys Met Asn Thr Glu Ala Glu	
6185 6190 6195	
atc acc gag gag gaa caa agt cat caa ata atg cgt aga gtc ttt	77800
Ile Thr Glu Glu Glu Gln Ser His Gln Ile Met Arg Arg Val Phe	
6200 6205 6210	
tgt att cca aaa gca att ctc cat caa agt taa ggtcacacat	77843
Cys Ile Pro Lys Ala Ile Leu His Gln Ser	
6215 6220	
tttacagtaa acgtccgatg ttccaatgga tggcaccaca gtctctgttt gttgttctgg	77903
gttgcgacat accgacagta aaaatgttgt ctgccaaacg tgtgcgacta ttttataccc	77963
ccgacacgcg gcctgtatat gatcgattag tctgtaatgg aggtgaacag atttccccgg	78023
aaatataaca tacatcataa accctccggc atctccatca cgataaaaaa gtacgcgtat	78083
atctcgcatg cccccctccc tcataatatg atacataaaa aataattccg gttgtgccaa	78143
tacgctcgac aataggggtt cagcggacgc tgcttgcatg ttggctcggt ctgatagcgc	78203
caaatggat gcaagaaaca cacgatattc gtatatgttg ttaagctgct gaacatatgc	78263
tagtatcaga gccgcccgat cggttcgaca tagacgcggt tctccagatg cagtgcattg	78323
cggacaataa cctccgagac ctaaatagata acccattccg gataacgaca ggcagttatc	78383
cgccactgtc tgaccaagt taaacggaag ggtgacagg gtcgtcttaa taattggcac	78443
gattaagcct ctaacggtag ctagttcttc tggggggggac cttgcgatgt aattaaaata	78503
atggcggtac acagaccgct cctttgacat aagttttcct cgaatggttt gacggcggca	78563



tggcgttctg gagcgtacac gcatcgaagg cccgctccga gatacggatt tataatcgctt 78623  
agacatactt cgataggggtg tgttcgaggg agaccagcga tattgcatgt cgtcgaagca 78683  
taagtcctcc atctcgtatg aatgcggcat tggcggttgg tttgcgtgga aaaatctggt 78743  
aggctttaaa tgcatacgcc aatgtccaca ggccagcaca tacacgacct tcaaacttgt 78803  
tttgtgcagc cagttgggct ttatataact ccaacacttc cttatccgcg gttgtaggat 78863  
gggcaaataa aatttttaggg tttgtctgta attccgagag agcgcatagg agatcgcaaa 78923  
ataaatgttt atatacggcc tcggaacctg ctgctttttac aatggttatg aatcgaccct 78983  
catcattaataa tggaaattta agtttaatgg gggttatctag gctccatgca ttgattacag 79043  
gttcgataca gtcaaataaa cttgtgttat ttgctgagta tgctaataata tcccttttaa 79103  
actgccgcaa agcgatccaa tagtgcccta tggttaataa acaacataac atgcattcgg 79163  
tattcgtgcg accacggcac tttgcgtttt ttaaggtagt taacaaaata ggcccaaagt 79223  
ctacttcggg acaggcatcc tcgctcgtaa atttggaataa ttgttttgga acgtccctgg 79283  
agttttcaat ccggttcgcc tgccagtatg atttaacaca tccaacgcga gtttctatag 79343  
cacaatttgt acgctcgtct acattccaag tagcaacccc actcagtaat aataaagcca 79403  
agtctgcgta accccaagct gcttctacgt aagacgattt tttaagtttg tctattaata 79463  
tatcttcaaa ctctatatcc tcttttaagt cacgttccgc gcaggtaatc atcccacttg 79523  
tgcgatgttc cgatgatgaa cagtcaacca tccgcgcgca atctttccaa ttagccaagg 79583  
cggccgctaa aggttgaggg cctccagtca gtccgtcctg attaaagtaa aatgacttac 79643  
gcgtttcggg ttctgtctaaa cgagacgtgc tgatcgatag taatgcagcc ctaactaccg 79703  
cctgtacaaa aaaggagtaa ttggaatatc ttactttgtt ggccatttcc ttaccggggg 79763  
gcggtcgtat acctggtaac cctccatcgg tacgaaaaca tacatgcaaa aaaaaatgtc 79823  
tttgtatatc taacagggaa agcgtgcgcc tggcaaagga cccaacaaa gtaacgttat 79883  
aacggcacag gtagtaacga tccataagat acacaaattc aaaggcagcg ctaaaagtga 79943  
caactgcaca gggcggggat gccagacttt tcatacataa catggcgtag tccgcaaccc 80003  
attccggtgt cagtccaaat ttacgtttat acaaatcaag cgttctgcag accaaacagg 80063

出証特 2 0 0 5 - 3 0 3 5 3 8 5

aaataaacgc attaataagt cgtcaggggg tgatcactc caaactcctc ctatatccca 80807

cgataaatgg tctaaatact tcacgcgtgt gccttggttt gcaaccttag atcaat atg 80866  
Met

tca cgg aga acg tat gta cgg agt gaa cgc agg agg ggt tgc gga 80911  
Ser Arg Arg Thr Tyr Val Arg Ser Glu Arg Arg Arg Gly Cys Gly  
6380 6385 6390

gat aat ctt tta caa cgt att cgg ttg gtg gta cca agc gct ctt 80956  
Asp Asn Leu Leu Gln Arg Ile Arg Leu Val Val Pro Ser Ala Leu  
6395 6400 6405

caa tgt tgc gat ggg gat ctt cca ata ttt gat cca caa cgc ccc 81001  
Gln Cys Cys Asp Gly Asp Leu Pro Ile Phe Asp Pro Gln Arg Pro  
6410 6415 6420

ccc gcc cgt tgt gtt ttt cag ttt aac ggc gaa gac aac gta tcc 81046  
Pro Ala Arg Cys Val Phe Gln Phe Asn Gly Glu Asp Asn Val Ser  
6425 6430 6435

gaa gcc ttt ccg gta gag tat att atg cgt tta atg gcg aat tgg 81091  
Glu Ala Phe Pro Val Glu Tyr Ile Met Arg Leu Met Ala Asn Trp  
6440 6445 6450

gcg caa gta gat tgt gac cct tac ata aaa att caa aat acg ggg 81136  
Ala Gln Val Asp Cys Asp Pro Tyr Ile Lys Ile Gln Asn Thr Gly  
6455 6460 6465

gtg tct gtg cta ttt caa ggt ttt ttt ttt cgt ccg act aac gca 81181  
Val Ser Val Leu Phe Gln Gly Phe Phe Phe Arg Pro Thr Asn Ala  
6470 6475 6480

cca gtg gct gaa gtg tcc att gac agt aat aac gtg att ctt agt 81226  
Pro Val Ala Glu Val Ser Ile Asp Ser Asn Asn Val Ile Leu Ser  
6485 6490 6495

tca acg tta agt acc ggt atc aac cta tct gct ttg gaa tca att 81271  
Ser Thr Leu Ser Thr Gly Ile Asn Leu Ser Ala Leu Glu Ser Ile  
6500 6505 6510

aaa cga ggt ggg ggt att gac cgc cga cct ctc cag gct tta atg 81316  
Lys Arg Gly Gly Gly Ile Asp Arg Arg Pro Leu Gln Ala Leu Met  
6515 6520 6525

tgg gtg aac tgc ttt gtg cga atg cca tat gtt cag tta tcc ttt 81361  
Trp Val Asn Cys Phe Val Arg Met Pro Tyr Val Gln Leu Ser Phe  
6530 6535 6540

cgt ttt atg gga ccg gaa gat cca tct cgc acc att aaa ctt atg	81406
Arg Phe Met Gly Pro Glu Asp Pro Ser Arg Thr Ile Lys Leu Met	
6545 6550 6555	
gcc cgc gcc acg gat gca tac atg tat aag gaa act ggc aat aat	81451
Ala Arg Ala Thr Asp Ala Tyr Met Tyr Lys Glu Thr Gly Asn Asn	
6560 6565 6570	
ttg gat gaa tat ata cgc tgg cgg cct tca ttc aga tcc cca ccc	81496
Leu Asp Glu Tyr Ile Arg Trp Arg Pro Ser Phe Arg Ser Pro Pro	
6575 6580 6585	
gag aac gga agt cca aac acg tct gtt caa atg caa agt gac att	81541
Glu Asn Gly Ser Pro Asn Thr Ser Val Gln Met Gln Ser Asp Ile	
6590 6595 6600	
aaa cct gcg tta ccc gat acc caa act acg cgt gtc tgg aaa ctt	81586
Lys Pro Ala Leu Pro Asp Thr Gln Thr Thr Arg Val Trp Lys Leu	
6605 6610 6615	
gct cta ccc gta gct aac gtg aca tat gcc ctg ttc att gta att	81631
Ala Leu Pro Val Ala Asn Val Thr Tyr Ala Leu Phe Ile Val Ile	
6620 6625 6630	
gta ctg gta gtt gta tta ggg gcg gtg ctt ttc tgg aaa taa	81673
Val Leu Val Val Val Leu Gly Ala Val Leu Phe Trp Lys	
6635 6640 6645	
attgcctttc cgtacatatc ctgcgcagat gtacgtgtat gctgttatcg attgtcccgt	81733
aaactaataa acg atg aca caa ccc gca tcg tct cgt gta gtc ttt gat	81782
Met Thr Gln Pro Ala Ser Ser Arg Val Val Phe Asp	
6650 6655	
ccc agc aac ccc acc aca ttt tcg gtg gaa gca att gcg gct tac	81827
Pro Ser Asn Pro Thr Thr Phe Ser Val Glu Ala Ile Ala Ala Tyr	
6660 6665 6670	
acc ccc gtt gct tta ata cga ctt tta aac gcc agt gga cct ttg	81872
Thr Pro Val Ala Leu Ile Arg Leu Leu Asn Ala Ser Gly Pro Leu	
6675 6680 6685	
caa cct ggt cac cgt gtg gac atc gct gat gcc aga agc att tac	81917
Gln Pro Gly His Arg Val Asp Ile Ala Asp Ala Arg Ser Ile Tyr	
6690 6695 6700	
acc gtg gga gcc gcg gcc agt gcc gcg cgt gca cgc gct aac cat	81962
Thr Val Gly Ala Ala Ala Ser Ala Ala Arg Ala Arg Ala Asn His	
6705 6710 6715	

aat gca aat acg ata cgc cga acg gcc atg ttt gcc gag act gac	82007
Asn Ala Asn Thr Ile Arg Arg Thr Ala Met Phe Ala Glu Thr Asp	
6720 6725 6730	
cct atg aca tgg tta aga cca acg gtt ggc tta aaa cgt acg ttt	82052
Pro Met Thr Trp Leu Arg Pro Thr Val Gly Leu Lys Arg Thr Phe	
6735 6740 6745	
aac ccg cgt att ata cga cca caa ccc cca aat cca tcc atg agt	82097
Asn Pro Arg Ile Ile Arg Pro Gln Pro Pro Asn Pro Ser Met Ser	
6750 6755 6760	
ttg gga atc tcg ggg cct act ata ttg ccg caa aaa aca cag agc	82142
Leu Gly Ile Ser Gly Pro Thr Ile Leu Pro Gln Lys Thr Gln Ser	
6765 6770 6775	
gcc gat cag tct gct tta caa cag ccc gcc gcg ttg gcg ttt tcg	82187
Ala Asp Gln Ser Ala Leu Gln Gln Pro Ala Ala Leu Ala Phe Ser	
6780 6785 6790	
gga tca tcc ccg caa cac ccc cca cct caa acg acg tcg gca tcc	82232
Gly Ser Ser Pro Gln His Pro Pro Pro Gln Thr Thr Ser Ala Ser	
6795 6800 6805	
gtt gga caa cag caa cac gtg gtg tcg ggg tct tct gga caa caa	82277
Val Gly Gln Gln Gln His Val Val Ser Gly Ser Ser Gly Gln Gln	
6810 6815 6820	
ccg caa cag gga gca cag tca agc act gtc cag cca aca acc gga	82322
Pro Gln Gln Gly Ala Gln Ser Ser Thr Val Gln Pro Thr Thr Gly	
6825 6830 6835	
tca ccg ccc gcg gcc caa ggc gtg cca cag tct acc ccg ccc cca	82367
Ser Pro Pro Ala Ala Gln Gly Val Pro Gln Ser Thr Pro Pro Pro	
6840 6845 6850	
acc caa aat acc ccc cag ggg ggt aag gga cag acc ttg tca cac	82412
Thr Gln Asn Thr Pro Gln Gly Gly Lys Gly Gln Thr Leu Ser His	
6855 6860 6865	
acg gga caa tct gga aac gct tca aga agt cgt agg gtg taa	82454
Thr Gly Gln Ser Gly Asn Ala Ser Arg Ser Arg Arg Val	
6870 6875 6880	
ataaaaatac acagaaaata atcgttgttt tttttttttc ttttaataggc gctactttat	82514
atatatgttc catctaataa caatttaaca taccacaggc cttgaaatat atcttccgtg	82574
tggtccatta aaagtttacg tgtatatcta acgttgtcga tcatacgccg acatgcctgg	82634



cttaacagtg ccagtgctcc caaggcggtc cctcggacat aacgtcgacc ggtgactaca 82694  
tcggcattaa caacgcgtac gtgcctagga acgcgacatg accgatgttc gtcgagactt 82754  
agtacgatag aattttcact ctactgcta tagccgtcag aaggttcact aaaatcactt 82814  
tgatataggt ctctgttcgg tgagttaaac gggttagaag atacgccccca tgtgtgtacg 82874  
tcccgcggaa agtttggcga cggctgtcct gttttatagt ttgtcaatag gtccgtttgg 82934  
ggggcatcgg ctgccgtgtc aaccaagaa ggtaattggg tatttacagg gtggaatact 82994  
gttttggagt tatacattcg agggtcattt tgatgccgtt tttgtgtttg atttgatttt 83054  
tcaatccaag tccggtaaga tatcgagtca tctgtcggaa tggaggtaat ctcaagtatt 83114  
ggtttactga acgcttgggt taacgtttgg ttttgctgtg gattattttt ccaatccgac 83174  
aattggttat ttgggtgggg aatactttta caaacggttg ttttaatgga ggtggttaat 83234  
tgcttaggta taagcacagc cgtttctgat tcggtttcca catacaaggg aatatctttt 83294  
tggctaaggg ttgtttttac gctttggggg ttcttaaaat tttgtaccac tatttgtgtg 83354  
cccggttcta tgggctgcgc gggctggacg gtctgcgcgg gctgcgcggg ctgcgcgggc 83414  
tgcgcgggct gcgcggggccg gacgggcatt tttttacatt tggaacttct aacaacttga 83474  
acgggagact taaatagtgg ctccgttggg taaaaatcag ttgtgtcgag gtttgggggg 83534  
ccttggggcg cataaccggc aataatttgc gagtaaaatg gatcatcggg acacgagggg 83594  
aaagagtcct catcggagtc gatgtacggc aaatcaataa gagattctgg ccccaaaaag 83654  
accacataat ccggagctgg aatcgagtct tttcgttccc ataaaacata agagggattc 83714  
atatgttcgt ccaatagcag taaacacggg ggattgtttg taagaggttt gtttgcaatg 83774  
agcgcggaca gtttttctag ttggacaatt aaacatgcat tttcaattgg gtgaggatcc 83834  
atatgcagta aacgtaacc ccaagaaaca atatcgggag atacggctga ggatataccc 83894  
gaatctgtag ccatatgccg ggaatcgaat aattttaacc ccaaagtaag tccggaattt 83954  
tgtgaaaaaa cggatgtaag ttccatggca ataaccaaa gagccccaaa taaaatagcc 84014  
gtagttgcta tgtcaaacgc tgttacatta gaaacgtgag ttgggtgccg ccccgttact 84074  
gtaaaaactg tcgttgcccc ggtttgaata taagcatctg taattacttt acggtctgta 84134

ttccactcta acgtggtatt gctgggagcg gtatcaaadc ttgcattaag cgtggatgac 84194  
aatccagtc tcgcatcaac tataatgtcc acatcatctt gtgtttctgta tgcgaattcc 84254  
tccggttgca gcgtattcca cattgacact aaggaaattg gcgggagaca catgcgcca 84314  
agtacagtaa tggtcgcaag acgatctgtt gccattatac gggtaactgc atcgacattg 84374  
gcctttaccc cggggggggg ggaaagttgc catggcgcaa aaggatccgt tattttctgt 84434  
ggcattttta caagtttcca atctgccatc cgaaatgcaa atattctccc gccggtagga 84494  
tcttggtttg atccaagagc taacgggagt ttatgtttgg atggggcggc attaaaaag 84554  
gcccgggcat tgcctttcgg gtctccatcc aatgagcgaa cgagtaaacg acctctaat 84614  
gcggcctcga ttacgggtct gaggtacgg gccatatact catgctgttt aattaatcc 84674  
aatctagcaa aattgagaag atgtaccggg gttgtggcaa ccaaatagt tacaatatca 84734  
gatagggtta actctaatac gcgtacatca ccccttctct ggattggttt agttagtcca 84794  
ttgcccatta cagaagttag gtggtgtttt tcaaaagaat aaataagctt gtcccaatga 84854  
accccgattt gtcgtgtcaa tgttggtgtt ataaggccgg cgtatatctc tgcaatggct 84914  
ctgcgtgcgt tggttttacc ccattcggcg tggcgatgcc taacaaaggt ggaaaaggca 84974  
gaaaaccgga attttatagc ggattcgtat tcaatgcgta gtcattgac ctcatggcc 85034  
acgcgtaatg ccgatatgtt agtttcttcc acaatacctt catcggaag tgccggtcgt 85094  
aaagataatc caccctgact gcatagcatg gttccaagtt taacccaac tgatttataa 85154  
cacactctat atcgaagtgg aaccccatca gtatccaagt aaaaggttta attttttcca 85214  
aacaagcgt ctatagaaga tctggcttcc ctaaagcttt gcaccacaga cgcctcccc 85274  
ataaacgcgg ccacccgcgc gcgaatgcat cgggattggc cttctagaca tacacccgac 85334  
atggcgggaa taggagcaaa tactccgttt ggagacgcgg gtggaaaaat ctcagcataa 85394  
cttgcataca agcctaaccg taccatgagt aaatttcgaa atgtcatata ctgtgttttt 85454  
atccatatag gcaaatgtgt aaattgatcg aaatcacgta ataacatacg aagaacgtca 85514  
tggtcactct ccgttggaat acgttcaatt aaagctcgta agcgagacgc ggtctcttca 85574  
aactgtcttt gtttttgcaa cacaacatcc aacgccgttt tacgttcctg ttgctttttt 85634

tggagacggt ttttcgtttc cacaggcaat aaaaaaatt cgggttcgga acaaagcatg 85694  
tcaaccacag acgccgatgc ctggagtgcc ttatactat ctacggaagt agcgtacgtg 85754  
tccccgatg ccaacatac ccccgtttct cttttaaatg ttgtccatgc atcgtccac 85814  
gtaacctcac cggtttctat tcgtcgtcgt aggagatcta atttagttcg taacgcataa 85874  
agtttatcca ccctatcttt ataagtatgc agggggccgg taccgtctat acgcacactt 85934  
agtggatggg agtcaataat attgcgagct tggtagatcc agtcaaccgc ctgaatgtcc 85994  
aacgtaccag tttcttcttc cagacgccct aacagcaatg caaactgcgt gacaatgtcc 86054  
tgaacggaag tagatctatc aatggccaat gcaattgttt tgggaggggg ggtagtttt 86114  
aataacgtct tcaggtagt gaaatccacg tcttcttggt gctcagtggc attggccgta 86174  
tcaacaatgt tttgtaaaat ttgtattgca cggttctttg ttgcctgaca caccatacga 86234  
aactgtgcaa gctctgcgtt ggcctccttt agatcgcggt ctaccattgt ttgtaaaact 86294  
ctttcatatg ccgttcctat aaatcgttta tgatcgaaag ttgtaaaata ctctatagcc 86354  
cgaatcaata aaccttcgct tggtaatgta atgaagacac cttctttaag tgcaagttta 86414  
gccgtttcgt gtgcccgaac atgagttact tcctccaaag cttatattgc ttctgtaagt 86474  
ttagccccgg cagcctgtct gatgtctgct ctaagttcac ttaacgttac actttcgggt 86534  
ataaactgat cataagaccg tgtgtaaaaa tcaacatacc cagccaatgc gggtatttgt 86594  
aatagatccc ccgaggttcg taatatcata tctcggtagt taggtattcc attaatagac 86654  
gtatcggcgg ataataacac aaccgcgcga atacgcataa gcagaaggag tcctcaata 86714  
ctaacacctg gaaacataac ggtgaatacg ggagccgtaa tcgaaaaatc atcaaaccat 86774  
gttaaccctc ttaacaaagc caaagggtgt ggaatatgtg tatttttcggg ggtatatgga 86834  
ttgtggcgaa acacagtatc taatgccgta acggctgtag ttccacatgc cgctacaacc 86894  
tgacgtgctt gtgggtaaac tgcgtgtata tcaaaccctc ccgcagcggc catatctcgc 86954  
aaccgtgcca gttctgtccc gttaaataata tggcgcgttt ccattgcctc cagacatgct 87014  
ataatatcac gtgtccaacg ctcatacaaa acccgagtcg ttgtgtgttt atgtgcacgt 87074  
tcacaatcgg taattaacac ttttgcctgt tccttcttct catgtgccat tgtgacgagt 87134

ttatgaagat cctttactac tcgagataag gtagatgtcc cagcaataca atgggggggt 87194  
agcttttgca gttcaacttc aacaagttaa accgtatcca ttagggcgtg cacatttggt 87254  
tgtattgata atatcgcatc gtttatttca taatcatcta catttgaaga tgatataaac 87314  
ttcaagtgtc cagatgagac agctagggtg gagaagtcac ctccaagttg tttttgtaat 87374  
tcagtcaact tatgggtatt cgtaatttct tgttgtaaag cctgatattt tttatataac 87434  
gacaacacaa aggataaggc tggcactgta gatgaaacta acgtcgcctt actaagagtt 87494  
gcaacaacag cgtttatggc ggactcactt tccgggttag tagatacggc cgcgatgtcg 87554  
gatgcaagca catctgccac gtcaccaaaa aacgcaagca atgatggctt atactccgta 87614  
ggatcggca caatttcgat aatagctgta aaacaagctc ccagtcctcc taagacagat 87674  
gtgcgtgcgt ttccgggatg ttctaaaatg tctcgatatt ggttaaataa cgcccagaaa 87734  
tcacccgtaa gttgagaacg gatctctacc ggcgctctca agactttggc cctgagattt 87794  
accagggtc cttggacatc taactcagaa gcaagttccg gtaataaatc tactgcagcc 87854  
ctaagtccca caaaaccggt taccgggcga agtaaccccc cgagtttatt atatgccgcc 87914  
tgttttcgac tctttattgt gtcctgtgtg gttcgggcct cgtttgcata cgtctgaacc 87974  
tctttaagcc ttgtttccaa tcgtctttta atcgaagggt gtaaaccgga ttggatcatt 88034  
ggatcactta aaatTTTTat ctgtcgcacc aaatcgtctg tagcacgtac aattgttgct 88094  
aataaatcat cccgtgttat ttcaggatac ttgacctcac cattgttata tgtttcatag 88154  
tcctttacgg cttggctctc ggccgcgctt agcgtattaa agcaagacaa ctctgcttcc 88214  
gcggaagccc gttgcgttgc gcgtgtatta atggttttta ttgtacgtga taattcatcg 88274  
aactctcgtc tggataagta acctgcggtt tgagcttccc cgactacaga taaccacgat 88334  
acgagagccg tgtctgtgtt taaatcttcc cttcttttaa taagctcttt taacagagat 88394  
acgacgggga gattttgtat agtctcagga ggagggtgta tagacaggga cgatatgatt 88454  
gccgttaatt tagcgtcgaa ttccggaaga gaatctaaaa gccgttgaat gggtgccgta 88514  
cttgcggtcg cgacccgaaa acgcctaggg gattgttcag cgatcaaggc ccgtgtgcta 88574  
tataacactc cgcggttgaa gtattctgta acagccgagg tcaatagcat tgtaacttcg 88634



gatcgtatct catatacacg ccgaattaac tcttcgggtg gaatgtcggg ttcttccggg 88694  
ggttcctggg gaacttctgg tatttgaatg gcatcaatth tattgcgggt agaccgtaat 88754  
gcatttctta aagcctttac actagaaaca agcgcgggtg gttcacgcat atagcgtgtc 88814  
tcccggggccg agactaattc acaaagaaga cgtattcgtt cagacaggga ccctgtacgg 88874  
gttggaataa gctcggcaaa aagtccggga tgagaaataa taggcgaatt tagtatactt 88934  
ataagacctg tcgacagtct agaatagagg tctatgggcg acgaacctcc tagatccgct 88994  
tctaacacat ctagttcggc atgtaaagcg ccggttgtat cctgaacctc catggcaact 89054  
agaccaaact tagcgataat gagcatgcca attgtacatt ttttccggag aacagtttta 89114  
atagcatatt ccgcccccg catgtttgtt aatatcaaac ttgtaacgcg tataagttcc 89174  
gcggcggagg gaaatcctgt taaaatttcc ccaaggggac ctataaagtc tgatacaacg 89234  
cttgtagcac catgatgtgt acgtgttcca ttttccacca caaatcccgt taaacgcaaa 89294  
atggtgaggt taataaaaag ctccaatgga tccttttctg ctggcataac caagggcctt 89354  
gttacccaaa tgggaacatt tgtatgaccg gtaataacag tatccaacgt acccaccgca 89414  
ttttgtacgt atccattgct aatttcatgc ccatgttgta gtagtttttc gacaaccatg 89474  
ttgacatcac cactctgttc aaatagaaat ggcttccgat ctttcaaact gcttcctaca 89534  
ttcatgttcc gtgaaaaagt gggactggat tcaggcgtat ctacattgga tacatttaac 89594  
acaacgtctg ggggtgttagc aacttctcgt aggcggggta atacatgtgc cacttgtgtt 89654  
ttatccggca cgtctacagt tggtttaaat ttgagaacct ttttagcggg tttatgtaaa 89714  
ttatccgtgg aatgtgtatt atttaccaag ccatcgtcga tacaagctaa attttcctcg 89774  
cttgaaggag gagtccatga aggacggcgt ctacgacgac aatccaaaac gccagacca 89834  
gtcgaggttg tttctagaac cgcatgccaa ggatcaacct cgctgtaact acatctaggg 89894  
tccagtgcaa ccgtgttggt taacgttgaa tgtaggggtg ctccaagga tacactttca 89954  
ccaacgtttt ggtgaagagg tactatagac gatttattaa gcacaattgt cgtggaatta 90014  
ggaggtgaaa gaagcaacgg atgttgagct gtaaccagtt tttcgcaata ttgttcatct 90074  
gtaaaatatg tatcacagct tccgtatata agcgttactg ccgaagatag cgcttcttcg 90134



cttacgggac cgtcgtttgc ggtgacaaaa aaaactaatg cagcggccca ttgggattct 90194  
acgttatcgg ggcggtgggt atactccgat gcgataaag agtacacatc cgtggtattc 90254  
acccgaacaa ctacagcctg tcctatagtc ccatggccat gtggatcaaa aataaaagat 90314  
atgtttccct gacgatagat ggccattccc gttgagtcta cagttataat tgtatacgac 90374  
tcttcacgtc ccatccacac atcatcgaaa aacgctctag cgggaatttg tgtgcacata 90434  
aaaccctcgt ctggaacggt aaaaaaatgg ctatcgccgt atattctaga caaaacgcag 90494  
cacgtactgg tagtgtcccc cagtttaata tatgaaattc gattggggag atcaacaaga 90554  
gcacacatat ctgggacacc cctccccata ttagacagat ccgtagtcca tgctgcaccc 90614  
tcttgtaaac atccatcaat catgtctgat gacagggttg cattaattcc atgcgcatat 90674  
gtcatatgca aaaacgataa agatgttctt aaacatgaca gacctgacgc cgggtcccagg 90734  
gcaccgtcaa attgattacg gcttcccact cccgcaacag tgacagctat aggcggaatt 90794  
atatccatth tattgcttac gaaaattacg cgctcaactg gtagggacgc tacgtttacg 90854  
atgattcaaa tcccaaagag cgttgaataa gcacgtgtag ctccaaaaac ctaggaggtt 90914  
atgaaaatac tagcaacaac agcggttatac aaacgaaacg ccagtcatt aaaaaccaca 90974  
aatactttta tgtaacataa cacgcctggt ttatatataag ggtcactccc acttggtattc 91034  
ccgggtacgc caagacgcaa atctacatta gataaaatct catctggacg aagccatctt 91094  
tgtcctatta tcagcgtcgg agcctctgaa attacgtctc tgaccgttgt cgttatttta 91154  
acattatcat gtaaaaacgt tgcatthaca ttctcccatg ttcttatatt acattgtgaa 91214  
gttaaaaccg cgcccatctg aggtccagaa tccacaataa actgttgcct ggagtccata 91274  
acgaatgaaa ctgctgcctt gtgatcttcc agatttcggg cgtgactcat atatgaggtt 91334  
ggggcattta cacgacctc ttgtatatth tttaaacgc gcctcaattc attacacacg 91394  
gttgcaatag attcggccga cgggactgcc gtggcatgcc tacaagctgt tgctattcgt 91454  
tcccacctat ttaaaaaaat ctctacattt gcaagaccgg gtatatthtc tcctgttggt 91514  
agtttgtaaa cacgcattaa aatgtccatt tgatcctgtg taaaccgtgc ataccgga 91574  
gcatcgttg aaaaaagagg cccaatagca gaagtggagg ttttagtcat taaattthca 91634

cattccctaa gggctgagga agcatcggcc ataattgtgc gcaggctgga tattcccact 91694  
ctcatttgcg ttcggattcc ttgtattgtc ccaacaatat gaccaaccgc atcagcaaga 91754  
tcgtttaaac gccatacccc aaattgttca tcgcgttcaa cctttgggtt acagatacca 91814  
acagcctgaa gatctggcgt tggataaaaa cgacacgcaa aaaatTTTTg taacattaac 91874  
atgtaccgag aaaccactaa cgcgttggat gtaaaatTTT caaccaacgc ctgcgatgtt 91934  
ttatccagtc ggggtccaacg accgtaaagt tcatcataat agagagttgc taaaaaacg 91994  
ctatttgtaa tagaaggacg gtcaggaacc aaaggacgga cgtgctgggg aagcaggtca 92054  
acggcaatgc caacagtccg atgaagtctg catataaggg aatctatagt agaaacgtga 92114  
gatggtaaaa gtactggggg gtgtgtacgg gtaaaagggt ctaatatgtt tataagagca 92174  
gatagttttg tgcgatatcc atctgcattg ggcacggttc cggatccata atcgcgagcc 92234  
cactgaagaa tagacaaggc ttgctgtatt ccccggtgtat caaaagacaa agctattgtt 92294  
gccgaaaggg catcaagcgt gcttgttgca ataataaag gcacaaacga cggttccaca 92354  
aacacgctag agcgattata ttcggtagga tatgcaatct ttagtgcttc tgttatcatg 92414  
acagcttcca accctgtagc cggtggatca acacaaatag gaggtgtcat acccacatcc 92474  
accgggggag taatacccca tcttgaatcc atacgtaggt caaaccaggt tagtacggct 92534  
tcgcgtacgg cactttgtcc tgcttgtggt aataacgcac ctgaggattg attatgtgtt 92594  
tgcttaaaat atgttgtctc tctagcttct gcatgtgaaa tttcattaag tagtattacg 92654  
cgtgtcgctt gtatactttc aataaggggt cgtggagcaa aacagcgccg cataatttgt 92714  
cccaggcctc ccggtggtaa tcctaaggcg ggtaatagcg tttcataccg tttttcggtc 92774  
tcgtttactg tccgtgtata tgttaacaca tactcggtag taggagcgta cgtttccact 92834  
aattggtatg ccagtcacc cactaaagcg agacatccta gtgtttgttg gaaatctgta 92894  
atatgctcgt ctgctacaac gcttccgtga ataaaaccgg cgagtgtgtg gtgagcaata 92954  
aaccgacgta gcaatttgca tgaaaatctt gtaaaccggg attcggcaag ggtgcttatt 93014  
aacatactag gcgatgtact agcctgaacc ttttcccaa tgccacgggt gtgttctgct 93074  
acattacttc cagatgtggt ttccgcttcc gggtcggagt ttagtaaag taacagcgcc 93134

tcaatatgaa ttccgggggt ggacaacgat aagaggttgc tttcccatat accattgtct 93194  
 aatctaagtc tcctagcaag cattcccggg gatgtctcaa aaacataagg gtctcgataa 93254  
 gccagagctg aggaaattcg tgactcgtgc accgttcgtg gattcgttac cgcttcttcg 93314  
 atggatacga acgcctcatc ttttaattaaa tttacagtat ctgcaaataa ttctgatatg 93374  
 ctatgtactg gcgtttccgt gagatattca tcaatcatac agattataaa aagggtcgt 93434  
 gttagaggag tgagtgagct attttgaatc tgattccaca taacattaaa cggaagaagc 93494  
 catcctgcat attgtgttaa aacacgaatc ccctcttgaa caaatggcat atcgtaaattg 93554  
 atcgcaaatt tatgttgtgt taaagctgca atggcgcttt ccaacattcc aatacgagcg 93614  
 tgagtgaatg gtgattcaat ggctgttgtt gcatccttta aggcgacctc gtacatattt 93674  
 atccagtccg ttataatgaa gtgtatcgaa acgggtccaa atttagacga gggttcgtaat 93734  
 ttattggccg ataaacgatg taacgtctcg gaatcttgta ctacacttga tagctggggtt 93794  
 aaaattttta agctattacc tggctcctct atcgctccagt ctagatctag tctccaaaac 93854  
 aacagtccgg gtaaattttc ggccgtgaaa gcagcctccg ccaaaaatgt attggaatat 93914  
 acaaaacaga tattagaatg caggggttcc catacttgaa taaaatgttt agctggaatt 93974  
 ttctgggtag atcgtaaaaa cttaactacc ttaactctgg cgatttctgt tttctctggt 94034  
 gaccatggtc tttcgttgtc cgcttcttgt actttcaagt tacttaaadc atccaaaagt 94094  
 ttttgtgtat cataacaaat tggttcttcc atggtatatt ctacgctgac ttaactttat 94154  
 aacgtgatat gaaaaagcta catccgtccg gaatgaaaag acataaatgt aacatcaata 94214  
 aaaacgcatg ttaataaaaa ggacgtcacg gtaagttgaa gaacctttta acgccaatca 94274  
 aaatattttt ataggctcct cctacctaac attatataaa cggtactacg actgtataat 94334  
 gtgtacacat accccaggca acatttcaga tagtaccacg tcacgattgc attgtgtgaa 94394  
 ttttaaccct cagct atg ggg agt caa cca acc aac tcg cat ttt act 94442  
 Met Gly Ser Gln Pro Thr Asn Ser His Phe Thr  
 6885 6890  
 tta aac gaa caa acg cta tgt gga act aat atc agt ctt tta gga 94487  
 Leu Asn Glu Gln Thr Leu Cys Gly Thr Asn Ile Ser Leu Leu Gly  
 6895 6900 6905

aat	aac	cgt	ttt	att	caa	ata	ggg	aac	ggg	ctt	cat	atg	act	tat	94532
Asn	Asn	Arg	Phe	Ile	Gln	Ile	Gly	Asn	Gly	Leu	His	Met	Thr	Tyr	
		6910					6915					6920			
gct	ccg	ggc	ttc	ttc	gga	aat	tgg	agt	cgc	gat	tta	aca	att	ggc	94577
Ala	Pro	Gly	Phe	Phe	Gly	Asn	Trp	Ser	Arg	Asp	Leu	Thr	Ile	Gly	
		6925					6930					6935			
cct	cgc	ttt	gga	ggc	ctg	aac	aaa	caa	ccg	ata	cat	gta	cca	cca	94622
Pro	Arg	Phe	Gly	Gly	Leu	Asn	Lys	Gln	Pro	Ile	His	Val	Pro	Pro	
		6940					6945					6950			
aaa	cgt	aca	gaa	acc	gcg	tct	att	caa	gta	acc	ccc	cgt	tca	att	94667
Lys	Arg	Thr	Glu	Thr	Ala	Ser	Ile	Gln	Val	Thr	Pro	Arg	Ser	Ile	
		6955					6960					6965			
gtt	att	aat	cgt	atg	aac	aac	att	caa	ata	aat	cca	act	tca	att	94712
Val	Ile	Asn	Arg	Met	Asn	Asn	Ile	Gln	Ile	Asn	Pro	Thr	Ser	Ile	
		6970					6975					6980			
ggc	aac	ccg	caa	gtt	acc	att	aga	ctc	ccg	tta	aat	aat	ttt	aaa	94757
Gly	Asn	Pro	Gln	Val	Thr	Ile	Arg	Leu	Pro	Leu	Asn	Asn	Phe	Lys	
		6985					6990					6995			
tca	acg	aca	cag	cta	atc	caa	caa	gtg	tca	tta	acc	gat	ttt	ttt	94802
Ser	Thr	Thr	Gln	Leu	Ile	Gln	Gln	Val	Ser	Leu	Thr	Asp	Phe	Phe	
		7000					7005					7010			
cgt	ccg	gac	att	gag	cat	gct	ggg	tca	atc	gtc	tta	atc	ctt	cgt	94847
Arg	Pro	Asp	Ile	Glu	His	Ala	Gly	Ser	Ile	Val	Leu	Ile	Leu	Arg	
		7015					7020					7025			
cat	cca	tct	gac	atg	att	gga	gaa	gct	aat	aca	ctt	aca	cag	gct	94892
His	Pro	Ser	Asp	Met	Ile	Gly	Glu	Ala	Asn	Thr	Leu	Thr	Gln	Ala	
		7030					7035					7040			
gga	cgt	gac	ccc	gat	gta	cta	cta	gag	ggc	tta	cga	aac	cta	ttc	94937
Gly	Arg	Asp	Pro	Asp	Val	Leu	Leu	Glu	Gly	Leu	Arg	Asn	Leu	Phe	
		7045					7050					7055			
aat	gcc	tgc	acg	gct	cct	tgg	acc	gtt	gga	gaa	ggc	ggg	ggg	ctt	94982
Asn	Ala	Cys	Thr	Ala	Pro	Trp	Thr	Val	Gly	Glu	Gly	Gly	Gly	Leu	
		7060					7065					7070			
aga	gca	tat	gta	acg	tca	tta	agt	ttc	atc	gcc	gca	tgc	cgg	gca	95027
Arg	Ala	Tyr	Val	Thr	Ser	Leu	Ser	Phe	Ile	Ala	Ala	Cys	Arg	Ala	
		7075					7080					7085			
gaa	gaa	tat	acg	gat	aaa	cag	gca	gcg	gat	gcc	aac	aga	aca	gca	95072

Glu	Glu	Tyr	Thr	Asp	Lys	Gln	Ala	Ala	Asp	Ala	Asn	Arg	Thr	Ala	
		7090					7095					7100			
att	gtt	tct	gcc	tat	gga	tgc	agt	cgt	atg	gaa	acg	cgg	ctc	ata	95117
Ile	Val	Ser	Ala	Tyr	Gly	Cys	Ser	Arg	Met	Glu	Thr	Arg	Leu	Ile	
		7105					7110					7115			
agg	ttt	tcg	gag	tgt	tta	cgt	gcg	atg	gta	caa	tgt	cat	gta	ttt	95162
Arg	Phe	Ser	Glu	Cys	Leu	Arg	Ala	Met	Val	Gln	Cys	His	Val	Phe	
		7120					7125					7130			
cca	cat	cga	ttt	ata	agt	ttt	ttt	ggg	tcc	ctg	ctg	gaa	tat	acc	95207
Pro	His	Arg	Phe	Ile	Ser	Phe	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Glu	Tyr	Thr	
		7135					7140					7145			
att	cag	gat	aat	tta	tgc	aat	ata	acc	gcc	gtg	gcc	aaa	ggt	ccc	95252
Ile	Gln	Asp	Asn	Leu	Cys	Asn	Ile	Thr	Ala	Val	Ala	Lys	Gly	Pro	
		7150					7155					7160			
caa	gaa	gct	gca	cgt	aca	gac	aaa	act	tca	act	cgc	agg	gtc	aca	95297
Gln	Glu	Ala	Ala	Arg	Thr	Asp	Lys	Thr	Ser	Thr	Arg	Arg	Val	Thr	
		7165					7170					7175			
gcc	aac	atc	ccg	gcc	tgc	gta	ttt	tgg	gac	gtt	gac	aaa	gat	tta	95342
Ala	Asn	Ile	Pro	Ala	Cys	Val	Phe	Trp	Asp	Val	Asp	Lys	Asp	Leu	
		7180					7185					7190			
cat	ctt	tcc	gcg	gac	gga	ctg	aag	cat	gtg	ttc	ttg	gtt	ttt	gta	95387
His	Leu	Ser	Ala	Asp	Gly	Leu	Lys	His	Val	Phe	Leu	Val	Phe	Val	
		7195					7200					7205			
tat	aca	cag	cga	cgc	caa	cga	gaa	ggt	gta	aga	ctg	cat	ctt	gca	95432
Tyr	Thr	Gln	Arg	Arg	Gln	Arg	Glu	Gly	Val	Arg	Leu	His	Leu	Ala	
		7210					7215					7220			
tta	agc	caa	cta	aac	gaa	caa	tgt	ttt	ggt	cgt	ggt	att	ggc	ttc	95477
Leu	Ser	Gln	Leu	Asn	Glu	Gln	Cys	Phe	Gly	Arg	Gly	Ile	Gly	Phe	
		7225					7230					7235			
ctg	tta	gga	cgc	ata	cga	gct	gaa	aat	gcc	gcc	tgg	ggg	act	gaa	95522
Leu	Leu	Gly	Arg	Ile	Arg	Ala	Glu	Asn	Ala	Ala	Trp	Gly	Thr	Glu	
		7240					7245					7250			
ggg	gtt	gca	aat	acc	cac	cag	cca	tat	aac	aca	agg	gcg	ttg	ccg	95567
Gly	Val	Ala	Asn	Thr	His	Gln	Pro	Tyr	Asn	Thr	Arg	Ala	Leu	Pro	
		7255					7260					7265			
ctt	gtg	cag	tta	tcc	aat	gac	ccg	aca	agc	cct	cga	tgt	agt	att	95612
Leu	Val	Gln	Leu	Ser	Asn	Asp	Pro	Thr	Ser	Pro	Arg	Cys	Ser	Ile	
		7270					7275					7280			



ggc gaa att aca gga gta aat tgg aac ttg gct aga cag cga ttg	95657
Gly Glu Ile Thr Gly Val Asn Trp Asn Leu Ala Arg Gln Arg Leu	
7285 7290 7295	
tat caa tgg acc ggc gat ttt cgg gga ctt ccc aca caa tta tcc	95702
Tyr Gln Trp Thr Gly Asp Phe Arg Gly Leu Pro Thr Gln Leu Ser	
7300 7305 7310	
tgc atg tat gcg gca tat acg tta att gga aca att cca tca gag	95747
Cys Met Tyr Ala Ala Tyr Thr Leu Ile Gly Thr Ile Pro Ser Glu	
7315 7320 7325	
tct gtg cgt tat aca aga cgc atg gaa cgg ttc gga ggt tat aac	95792
Ser Val Arg Tyr Thr Arg Arg Met Glu Arg Phe Gly Gly Tyr Asn	
7330 7335 7340	
gtg cca act att tgg tta gag ggg gtt gtg tgg ggg ggt aca aat	95837
Val Pro Thr Ile Trp Leu Glu Gly Val Val Trp Gly Gly Thr Asn	
7345 7350 7355	
aca tgg aac gaa tgt tat tat taa agcatgtatg taaaataaac tgaattttaac	95891
Thr Trp Asn Glu Cys Tyr Tyr	
7360	
atagcgtggg ttttgcgtga tattatatac tggggagggg caggctgtac gtaaccatat	95951
ataagggagt ctacaatatt gtagaactaa ctcagctgtg agtttagggg ttaaaggttt	96011
attccggagc ctaaatacgt tatccggt atg gag ttc aaa aga att ttt aat	96063
Met Glu Phe Lys Arg Ile Phe Asn	
7365 7370	
acg gtt cat gac att ata aac cga tta tgt caa cat ggc tac aag	96108
Thr Val His Asp Ile Ile Asn Arg Leu Cys Gln His Gly Tyr Lys	
7375 7380 7385	
gaa tac atc att ccg ccc gaa tca acc aca ccg gtg gaa tta atg	96153
Glu Tyr Ile Ile Pro Pro Glu Ser Thr Thr Pro Val Glu Leu Met	
7390 7395 7400	
gag tat att agc act atc gtc tca aaa ctt aag gcg gtg acg cga	96198
Glu Tyr Ile Ser Thr Ile Val Ser Lys Leu Lys Ala Val Thr Arg	
7405 7410 7415	
caa gat gag cga gtg tac cga tgt tgt gga gaa ctt atc cat tgc	96243
Gln Asp Glu Arg Val Tyr Arg Cys Cys Gly Glu Leu Ile His Cys	
7420 7425 7430	
cgt att aac cta cga tcc gtt tcc atg gaa acg tgg ttg act tcc	96288

Arg Ile Asn	Leu Arg Ser Val	Ser Met Glu Thr Trp	Leu Thr Ser	
7435		7440	7445	
cca att ctc	tgt tta act ccc	cga gtc cgc caa gca	att gaa ggg	96333
Pro Ile Leu	Cys Leu Thr Pro	Arg Val Arg Gln Ala	Ile Glu Gly	
7450		7455	7460	
cgg agg gac	gaa att cgt cgg	gct ata tta gaa ccg	ttt ttg aaa	96378
Arg Arg Asp	Glu Ile Arg Arg	Ala Ile Leu Glu Pro	Phe Leu Lys	
7465		7470	7475	
gat caa tac	ccc gct tta gct	acc ctt gga cta cag	tct gct tta	96423
Asp Gln Tyr	Pro Ala Leu Ala	Thr Leu Gly Leu Gln	Ser Ala Leu	
7480		7485	7490	
aag tac gaa	gac ttt tat tta	act aag tta gag gaa	ggt aaa tta	96468
Lys Tyr Glu	Asp Phe Tyr Leu	Thr Lys Leu Glu Glu	Gly Lys Leu	
7495		7500	7505	
gag tcg ctt	tgc caa ttc ttt	tta aga ctg gcg gcc	acc gtg aca	96513
Glu Ser Leu	Cys Gln Phe Phe	Leu Arg Leu Ala Ala	Thr Val Thr	
7510		7515	7520	
aca gaa atc	gta aac ctg cct	aaa atc gca act ctt	att ccc gga	96558
Thr Glu Ile	Val Asn Leu Pro	Lys Ile Ala Thr Leu	Ile Pro Gly	
7525		7530	7535	
ata aat gat	ggt tat aca tgg	act gat gtc tgt cgg	gta ttt ttc	96603
Ile Asn Asp	Gly Tyr Thr Trp	Thr Asp Val Cys Arg	Val Phe Phe	
7540		7545	7550	
aca gcg ttg	gca tgt cag aaa	att gtc ccg gct aca	ccg gtt atg	96648
Thr Ala Leu	Ala Cys Gln Lys	Ile Val Pro Ala Thr	Pro Val Met	
7555		7560	7565	
atg ttt tta	ggt cga gag acc	ggg gca acg gcc agt	tgt tat tta	96693
Met Phe Leu	Gly Arg Glu Thr	Gly Ala Thr Ala Ser	Cys Tyr Leu	
7570		7575	7580	
atg gac ccg	gaa tcc atc act	gtt ggg aga gct gtt	cga gct atc	96738
Met Asp Pro	Glu Ser Ile Thr	Val Gly Arg Ala Val	Arg Ala Ile	
7585		7590	7595	
aca ggc gat	gtg gga acg gta	tta caa agt cga ggt	gga gtg gga	96783
Thr Gly Asp	Val Gly Thr Val	Leu Gln Ser Arg Gly	Gly Val Gly	
7600		7605	7610	
att tct cta	cag agt ctg aat	tta ata cct acg gaa	aat caa acg	96828
Ile Ser Leu	Gln Ser Leu Asn	Leu Ile Pro Thr Glu	Asn Gln Thr	
7615		7620	7625	

aaa ggt ctt ctt gca gtt tta aaa ctt tta gat tgc atg gtt atg Lys Gly Leu Leu Ala Val Leu Lys Leu Leu Asp Cys Met Val Met 7630 7635 7640	96873
gca att aac agt gat tgt gaa cga cca act gga gtt tgt gtt tac Ala Ile Asn Ser Asp Cys Glu Arg Pro Thr Gly Val Cys Val Tyr 7645 7650 7655	96918
ata gaa cca tgg cac gtc gat cta caa act gtt ttg gcc aca cgt Ile Glu Pro Trp His Val Asp Leu Gln Thr Val Leu Ala Thr Arg 7660 7665 7670	96963
gga atg ttg gtt cgt gat gaa ata ttt cga tgt gat aac ata ttt Gly Met Leu Val Arg Asp Glu Ile Phe Arg Cys Asp Asn Ile Phe 7675 7680 7685	97008
tgt tgt tta tgg acc cca gat tta ttt ttt gaa aga tac cta agc Cys Cys Leu Trp Thr Pro Asp Leu Phe Phe Glu Arg Tyr Leu Ser 7690 7695 7700	97053
tat cta aaa ggg gct agt aat gtt cag tgg act ctt ttt gat aac Tyr Leu Lys Gly Ala Ser Asn Val Gln Trp Thr Leu Phe Asp Asn 7705 7710 7715	97098
aga gcc gat atc ctt cga aca tta cac ggg gag gca ttc act tca Arg Ala Asp Ile Leu Arg Thr Leu His Gly Glu Ala Phe Thr Ser 7720 7725 7730	97143
acc tat tta cgt tta gag aga gaa gga tta ggc gtt tct tct gtt Thr Tyr Leu Arg Leu Glu Arg Glu Gly Leu Gly Val Ser Ser Val 7735 7740 7745	97188
ccc att caa gat atc gca ttc aca atc ata cgc agt gct gct gta Pro Ile Gln Asp Ile Ala Phe Thr Ile Ile Arg Ser Ala Ala Val 7750 7755 7760	97233
aca gga agc ccc ttt tta atg ttc aaa gat gcc tgt aat cgt aat Thr Gly Ser Pro Phe Leu Met Phe Lys Asp Ala Cys Asn Arg Asn 7765 7770 7775	97278
tat cat atg aat acc caa gga aat gct atc acg ggg tca aat ttg Tyr His Met Asn Thr Gln Gly Asn Ala Ile Thr Gly Ser Asn Leu 7780 7785 7790	97323
tgt acg gaa att gtt caa aag gca gac gct cat caa cat ggc gta Cys Thr Glu Ile Val Gln Lys Ala Asp Ala His Gln His Gly Val 7795 7800 7805	97368
tgt aat ctt gcc agc ata aat ctt aca acg tgc tta tcc aaa ggc	97413

Cys	Asn	Leu	Ala	Ser	Ile	Asn	Leu	Thr	Thr	Cys	Leu	Ser	Lys	Gly	
		7810					7815					7820			
cca	gtg	tca	ttt	aat	tta	aac	gac	ctt	caa	ttg	aca	gca	aga	acg	97458
Pro	Val	Ser	Phe	Asn	Leu	Asn	Asp	Leu	Gln	Leu	Thr	Ala	Arg	Thr	
		7825					7830					7835			
act	gtt	att	ttt	tta	aac	ggg	gtc	ctg	gcg	gct	ggg	aac	ttt	cca	97503
Thr	Val	Ile	Phe	Leu	Asn	Gly	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Asn	Phe	Pro	
		7840					7845					7850			
tgt	aaa	aaa	tca	tgt	aaa	ggt	gta	aaa	aac	aac	cga	tca	ctt	ggc	97548
Cys	Lys	Lys	Ser	Cys	Lys	Gly	Val	Lys	Asn	Asn	Arg	Ser	Leu	Gly	
		7855					7860					7865			
att	ggc	ata	caa	ggg	tta	cat	aca	act	tgt	ctc	cgc	tta	gga	ttt	97593
Ile	Gly	Ile	Gln	Gly	Leu	His	Thr	Thr	Cys	Leu	Arg	Leu	Gly	Phe	
		7870					7875					7880			
gat	tta	act	tcc	caa	cca	gct	aga	cgg	tta	aat	gta	caa	ata	gcg	97638
Asp	Leu	Thr	Ser	Gln	Pro	Ala	Arg	Arg	Leu	Asn	Val	Gln	Ile	Ala	
		7885					7890					7895			
gag	tta	atg	ttg	tat	gag	aca	atg	aaa	aca	agc	atg	gaa	atg	tgt	97683
Glu	Leu	Met	Leu	Tyr	Glu	Thr	Met	Lys	Thr	Ser	Met	Glu	Met	Cys	
		7900					7905					7910			
aag	att	ggc	ggc	tta	gcc	ccg	ttt	aag	ggt	ttt	acc	gaa	agt	aaa	97728
Lys	Ile	Gly	Gly	Leu	Ala	Pro	Phe	Lys	Gly	Phe	Thr	Glu	Ser	Lys	
		7915					7920					7925			
tat	gct	aag	gga	tgg	tta	cac	caa	gat	ggg	ttt	tct	acg	ata	agt	97773
Tyr	Ala	Lys	Gly	Trp	Leu	His	Gln	Asp	Gly	Phe	Ser	Thr	Ile	Ser	
		7930					7935					7940			
tat	tta	gat	tta	cca	tgg	tgt	acc	ctg	cga	gat	gat	att	tgc	gct	97818
Tyr	Leu	Asp	Leu	Pro	Trp	Cys	Thr	Leu	Arg	Asp	Asp	Ile	Cys	Ala	
		7945					7950					7955			
tat	ggg	tta	tac	aac	tcg	cag	ttc	tta	gcg	tta	atg	ccc	aca	gtt	97863
Tyr	Gly	Leu	Tyr	Asn	Ser	Gln	Phe	Leu	Ala	Leu	Met	Pro	Thr	Val	
		7960					7965					7970			
tca	tct	gca	cag	gta	acg	gag	tgc	agt	gag	ggt	ttc	tct	cca	att	97908
Ser	Ser	Ala	Gln	Val	Thr	Glu	Cys	Ser	Glu	Gly	Phe	Ser	Pro	Ile	
		7975					7980					7985			
tat	aat	aat	atg	ttt	agt	aag	gtc	acc	acc	tcg	ggt	gag	tta	ctt	97953
Tyr	Asn	Asn	Met	Phe	Ser	Lys	Val	Thr	Thr	Ser	Gly	Glu	Leu	Leu	
		7990					7995					8000			

aga ccc aac tta gac ctt atg gac gaa cta aga gat atg tat tca 97998  
 Arg Pro Asn Leu Asp Leu Met Asp Glu Leu Arg Asp Met Tyr Ser  
 8005 8010 8015

tgt gaa gaa aaa cga ctg gaa gtt ata aac ata ctt gag aaa aac 98043  
 Cys Glu Glu Lys Arg Leu Glu Val Ile Asn Ile Leu Glu Lys Asn  
 8020 8025 8030

caa tgg tca gta ata cgt tcg ttt ggc tgt tta tct aat agt cac 98088  
 Gln Trp Ser Val Ile Arg Ser Phe Gly Cys Leu Ser Asn Ser His  
 8035 8040 8045

cca ctc tta aaa tat aaa aca gcg ttt gaa tat gag caa gag gat 98133  
 Pro Leu Leu Lys Tyr Lys Thr Ala Phe Glu Tyr Glu Gln Glu Asp  
 8050 8055 8060

ctc gtt gat atg tgt gca gaa agg gcg cca ttt att gag caa agt 98178  
 Leu Val Asp Met Cys Ala Glu Arg Ala Pro Phe Ile Asp Gln Ser  
 8065 8070 8075

caa tca atg act tta ttt att gag gaa cgc cca gac ggg aca att 98223  
 Gln Ser Met Thr Leu Phe Ile Glu Glu Arg Pro Asp Gly Thr Ile  
 8080 8085 8090

ccc gcc tcc aaa ata atg aat ttg ctt ata cgt gcc tat aaa gcc 98268  
 Pro Ala Ser Lys Ile Met Asn Leu Leu Ile Arg Ala Tyr Lys Ala  
 8095 8100 8105

ggc ctt aaa acg ggt atg tac tac tgt aaa att cgt aaa gct acg 98313  
 Gly Leu Lys Thr Gly Met Tyr Tyr Cys Lys Ile Arg Lys Ala Thr  
 8110 8115 8120

aac agc gga ctg ttt gcg gga ggc gaa tta acc tgt acc agt tgt 98358  
 Asn Ser Gly Leu Phe Ala Gly Gly Glu Leu Thr Cys Thr Ser Cys  
 8125 8130 8135

gct tta taa atttacacgg gaaactattc caaa atg gat cag aaa gat tgc 98409  
 Ala Leu Met Asp Gln Lys Asp Cys  
 8140 8145

agt cat ttt ttt tac agg ccg gag tgt cca gat ata aac aat tta 98454  
 Ser His Phe Phe Tyr Arg Pro Glu Cys Pro Asp Ile Asn Asn Leu  
 8150 8155 8160

cgt gcc ctg agc att tcg aat cgt tgg tta gaa agc gat ttt atc 98499  
 Arg Ala Leu Ser Ile Ser Asn Arg Trp Leu Glu Ser Asp Phe Ile  
 8165 8170 8175

att gaa gat gat tat caa tac ttg gac tgt tta acg gaa gat gaa 98544



Ile Glu Asp Asp Tyr	Gln Tyr Leu Asp Cys	Leu Thr Glu Asp Glu	
8180	8185	8190	
cta ata ttc tac aga	ttt att ttt aca ttt	tta tcg gcg gca gat	98589
Leu Ile Phe Tyr Arg	Phe Ile Phe Thr Phe	Leu Ser Ala Ala Asp	
8195	8200	8205	
gat ctg gta aat gtt	aat ttg ggc tct cta	acc caa ctc ttt tcc	98634
Asp Leu Val Asn Val	Asn Leu Gly Ser Leu	Thr Gln Leu Phe Ser	
8210	8215	8220	
caa aag gat att cac	cat tac tac att gaa	caa gag tgc atc gag	98679
Gln Lys Asp Ile His	His Tyr Tyr Ile Glu	Gln Glu Cys Ile Glu	
8225	8230	8235	
gtt gtc cac gcg cgt	gtc tat agt caa att	caa cta atg ttg ttc	98724
Val Val His Ala Arg	Val Tyr Ser Gln Ile	Gln Leu Met Leu Phe	
8240	8245	8250	
aga ggg gat gaa tcg	ttg cgg gta caa tac	gta aat gtc act att	98769
Arg Gly Asp Glu Ser	Leu Arg Val Gln Tyr	Val Asn Val Thr Ile	
8255	8260	8265	
aat aat ccg tcg atc	caa caa aaa gta caa	tgg ttg gaa gaa aag	98814
Asn Asn Pro Ser Ile	Gln Gln Lys Val Gln	Trp Leu Glu Glu Lys	
8270	8275	8280	
gta cgg gac aac cca	tcc gtt gca gaa aaa	tat ata cta atg att	98859
Val Arg Asp Asn Pro	Ser Val Ala Glu Lys	Tyr Ile Leu Met Ile	
8285	8290	8295	
ctt ata gag ggc att	ttt ttt gta tca tcg	ttc gcg gct att gca	98904
Leu Ile Glu Gly Ile	Phe Phe Val Ser Ser	Phe Ala Ala Ile Ala	
8300	8305	8310	
tat tta cgc aat aac	gga cta ttt gtt gta	act tgt caa ttt aac	98949
Tyr Leu Arg Asn Asn	Gly Leu Phe Val Val	Thr Cys Gln Phe Asn	
8315	8320	8325	
gac ctt ata agc cga	gat gaa gcc ata cat	acc agc gca tcg tgt	98994
Asp Leu Ile Ser Arg	Asp Glu Ala Ile His	Thr Ser Ala Ser Cys	
8330	8335	8340	
tgt ata tac aat aac	tat gta ccc gaa aaa	ccc gct atc acc aga	99039
Cys Ile Tyr Asn Asn	Tyr Val Pro Glu Lys	Pro Ala Ile Thr Arg	
8345	8350	8355	
ata cat caa ctg ttt	tcg gaa gcc gtt gaa	atc gag tgt gcg ttt	99084
Ile His Gln Leu Phe	Ser Glu Ala Val Glu	Ile Glu Cys Ala Phe	
8360	8365	8370	

tta aaa tcc cat gca ccc aaa acc cgt ttg gtg aac gtc gat gca	99129
Leu Lys Ser His Ala Pro Lys Thr Arg Leu Val Asn Val Asp Ala	
8375 8380 8385	
att aca caa tac gtg aaa ttc agc gcg gac agg ctt tta tca gcg	99174
Ile Thr Gln Tyr Val Lys Phe Ser Ala Asp Arg Leu Leu Ser Ala	
8390 8395 8400	
att aat gta cca aaa cta ttt aac acc cca cct ccc gat tcg gac	99219
Ile Asn Val Pro Lys Leu Phe Asn Thr Pro Pro Pro Asp Ser Asp	
8405 8410 8415	
ttt cca ctt gca ttt atg att gca gat aaa aac aca aat ttt ttt	99264
Phe Pro Leu Ala Phe Met Ile Ala Asp Lys Asn Thr Asn Phe Phe	
8420 8425 8430	
gag aga cac agt aca tct tat gcg ggc aca gtg ata aac gat tta	99309
Glu Arg His Ser Thr Ser Tyr Ala Gly Thr Val Ile Asn Asp Leu	
8435 8440 8445	
taa catgtatatata cgagcaaaat aaaacaatga accattaagt cgctcttatg	99362
tgtgtttttaa ttccaatatt ttgttaatac agtgtttagt gggagtggag taggaataaa	99422
ctgttttaaaa atacgtgcgt attggcgagc cattttttcc ccctttaagt tatgatataa	99482
ggtgttaata accatatatg ggtctgccgt attttgcata atatttacac gtttcattaa	99542
ctttaggcga ccgcgggtca atggagttac cacggcgatt atatgttcaa caaatgcgcg	99602
ttccaaatta tccaatgggg aggatgaggg tggcagaagg tttaaagccc aactggcgtc	99662
tactgtcacc tccgatcggg tagatgcata tttggaaacg gacactccgt tttctgtttt	99722
acccgacgtg gctacggtaa gacttttgaa aacctcgcca tgtctccacg agtcgtaagt	99782
gggggagcgc gttgaagtgt ccatttgatg tggaactttc aggccggtat cctgaataac	99842
ttgctgaaca gatttttaggt tgtcacttgt atgcaaatacg gtctgacagc gaacaaaggc	99902
aacaaaaaat tcagggtatg taattcctaa atattgaagc aaatcgcgac atcgtactac	99962
tggagcaaac ataggaattg catctaacaa aatatcacag cccatgaaga gtaaatacgt	100022
atctgtcgta taaaccaaag ccactgtacg cgtatgaaat aagtttgcac atgcctcgtc	100082
cgcctcaatg tcaaccgcct cgacgtatgc ataccctatc catctaataa gacttgcaca	100142
caatttgtga tataatcgat ggtaggatg tcctcgggat ggcatgttag aggtaagact	100202

gcatacgttt tggtcgcgca ggcagatcgt cttgtcagtt tgtcgtggac aaccgtccaa 100262  
 aaacatatcc tgggatttgt tttcttcgct aggaatacaa ctctgtggaag agtttcgaaa 100322  
 cacactgtca tatgtttccg atgttttgtt atacttgata gaacatgatg tgttggatga 100382  
 tagtagaaca cgggttaagt ccgaggttcc cctttcatcg tggttcatgg cccgtgacat 100442  
 aattgccttg gctccacgtg ataatgggcc gtctgtacaa cgttccaata caaatatcgg 100502  
 atagtatgac cgttgtgtta atagccgcaa taagactcca agacaatgta tcgttacaga 100562  
 tgggccgtgt aaattctcgc gtttaccac agggataaaa cgttccaaca atgtgtacat 100622  
 gacgttccat acgtctaccg ccacgggggt taaaactccg ggtggcggtg aaatgatgct 100682  
 gggtttaacc agtttatgtt catggataaa gcgtgtcagt ccaaagagcc ccatcaatac 100742  
 acttaaccaa gtttatatcg tcttgtgaaa ggtttcacag cggcttcagt aattcttcga 100802  
 tgtgatcttg tgttaattac agacgtatat aatgatgtac atatttttta tgacaaacat 100862  
 tacatcaaat ctggtaactt cttacgtatt ttattgcaca gtccctatta aggaacaccc 100922  
 cctgtattgg aacacgtgga aatgttccct cccatgggcc gtactattca aatatcatgc 100982  
 ctgtttatgt acttaagtca ccggatcggg ttaaacaac atattaacga aactcgtgtg 101042  
 ttacatatg attacttttt ctatagtaaa cattttaagt agtaaatt atg gat ttg 101099  
 Met Asp Leu

agg tcg cgt aca gac gat gct ttg gac atg gaa ttg cat gcg ggt 101144  
 Arg Ser Arg Thr Asp Asp Ala Leu Asp Met Glu Leu His Ala Gly  
 8450 8455 8460

ttt gac gcc cca gaa atc gcc aga gct gtt tta acg gaa aaa acg 101189  
 Phe Asp Ala Pro Glu Ile Ala Arg Ala Val Leu Thr Glu Lys Thr  
 8465 8470 8475

ctt act ggt tta att tcg tct ata tca cct ctg gtt aat aga cta 101234  
 Leu Thr Gly Leu Ile Ser Ser Ile Ser Pro Leu Val Asn Arg Leu  
 8480 8485 8490

agg gat tct att tta ata ttc agc gac gaa gga tta att att cac 101279  
 Arg Asp Ser Ile Leu Ile Phe Ser Asp Glu Gly Leu Ile Ile His  
 8495 8500 8505

tgt agt ttg gaa aca gaa caa ctg tat att cct ata ccg gca aat 101324

Cys 8510	Ser	Leu	Glu	Thr	Glu	Gln 8515	Leu	Tyr	Ile	Pro	Ile 8520	Pro	Ala	Asn	
atg	ttt	gac	cag	tat	aat	tgg	act	ggg	ccg	aga	atg	gtt	gta	ctc	101369
Met	Phe	Asp	Gln	Tyr	Asn	Trp 8530	Thr	Gly	Pro	Arg	Met 8535	Val	Val	Leu	
gcg	gca	acg	gag	gga	cgg	tcc	tcg	ctt	att	gac	gcg	ttt	cgc	cat	101414
Ala	Ala	Thr	Glu	Gly	Arg	Ser 8545	Ser	Leu	Ile	Asp	Ala 8550	Phe	Arg	His	
aca	aaa	gat	ccg	tcg	acc	cca	aca	cgg	tta	tat	ttt	aaa	ttt	acc	101459
Thr	Lys	Asp	Pro	Ser	Thr	Pro 8560	Thr	Arg	Leu	Tyr	Phe 8565	Lys	Phe	Thr	
gga	caa	ccc	ccc	gag	cgg	agt	att	atc	caa	acg	atg	gta	tgg	caa	101504
Gly	Gln	Pro	Pro	Glu	Arg	Ser 8575	Ile	Ile	Gln	Thr	Met 8580	Val	Trp	Gln	
cgc	ccg	ggt	gat	tgt	ggt	cca	gat	gat	caa	gta	caa	tgt	tac	aaa	101549
Arg	Pro	Gly	Asp	Cys	Gly	Pro 8590	Asp	Asp	Gln	Val	Gln 8595	Cys	Tyr	Lys	
caa	gtt	gta	aaa	cgt	gaa	ctc	gct	tgt	tat	aca	atg	atg	ttt	cca	101594
Gln	Val	Val	Lys	Arg	Glu	Leu 8605	Ala	Cys	Tyr	Thr	Met 8610	Met	Phe	Pro	
aat	cta	act	cca	gat	ata	agc	att	tgc	tta	aaa	cgc	gat	caa	ttc	101639
Asn	Leu	Thr	Pro	Asp	Ile	Ser 8620	Ile	Cys	Leu	Lys	Arg 8625	Asp	Gln	Phe	
acc	cgt	tta	cag	cga	cta	ctt	aaa	act	ttt	ggg	ttt	aca	aca	tgc	101684
Thr	Arg	Leu	Gln	Arg	Leu	Leu 8635	Lys	Thr	Phe	Gly	Phe 8640	Thr	Thr	Cys	
ttc	att	cta	aca	gcc	acg	gat	atg	tac	atc	cag	acc	gcc	ggg	ggt	101729
Phe	Ile	Leu	Thr	Ala	Thr	Asp 8650	Met	Tyr	Ile	Gln	Thr 8655	Ala	Gly	Gly	
ggt	ttt	atc	tca	ttt	aat	gtt	tcc	ttg	gat	ata	aac	gga	agc	aag	101774
Gly	Phe	Ile	Ser	Phe	Asn	Val 8665	Ser	Leu	Asp	Ile	Asn 8670	Gly	Ser	Lys	
cct	aca	cca	tat	aat	tta	ata	cgc	tca	atc	aca	aat	tca	aaa	agg	101819
Pro	Thr	Pro	Tyr	Asn	Leu	Ile 8680	Arg	Ser	Ile	Thr	Asn 8685	Ser	Lys	Arg	
atc	ctt	aat	aat	gtt	gtt	tat	ggc	agc	ggg	agt	atg	cgt	gaa	ttt	101864
Ile	Leu	Asn	Asn	Val	Val	Tyr 8695	Gly	Ser	Gly	Ser	Met 8700	Arg	Glu	Phe	

gga gta tta ttg gaa aca cac Gly Val Leu Leu Glu Thr His 8705	agt gga ttc cgt tct Ser Gly Phe Arg Ser 8715	gcc gta caa Ala Val Gln 8715	101909
aat ctt aag tta aca cgg gat Asn Leu Lys Leu Thr Arg Asp 8720	gag acg tgt tat att Glu Thr Cys Tyr Ile 8725	aat ttt tat Asn Phe Tyr 8730	101954
ctc gcc tta act aac tcc ccc Leu Ala Leu Thr Asn Ser Pro 8735	atg gtt gga ttg tat Met Val Gly Leu Tyr 8740	atc caa cgt Ile Gln Arg 8745	101999
tcc gca ccc gtg cat tct ttt Ser Ala Pro Val His Ser Phe 8750	ttt tat gca acg ttc Phe Tyr Ala Thr Phe 8755	tta agt ccc Leu Ser Pro 8760	102044
aaa gac ctt aaa gaa aaa tta Lys Asp Leu Lys Glu Lys Leu 8765	acc tcg atg caa tta Thr Ser Met Gln Leu 8770	ttt gcg aac Phe Ala Asn 8775	102089
atg gaa tct gtg aag gat gaa Met Glu Ser Val Lys Asp Glu 8780	cca cca tta aaa aaa Pro Pro Leu Lys Lys 8785	aga cgc aat Arg Arg Asn 8790	102134
tta tta aca aaa aga aac gaa Leu Leu Thr Lys Arg Asn Glu 8795	aaa aat acc gga aat Lys Asn Thr Gly Asn 8800	aaa atg ggg Lys Met Gly 8805	102179
ggg aaa ctc ccc gaa acc aca Gly Lys Leu Pro Glu Thr Thr 8810	tgg cag gag gga atc Trp Gln Glu Gly Ile 8815	gga att cgc Gly Ile Arg 8820	102224
gaa tat tgt gtg gct cct cca Glu Tyr Cys Val Ala Pro Pro 8825	gtg gac cct gca gga Val Asp Pro Ala Gly 8830	acc ctg gat Thr Leu Asp 8835	102269
tat tct gaa tta tca cgt gaa Tyr Ser Glu Leu Ser Arg Glu 8840	tct gac gta ata tgt Ser Asp Val Ile Cys 8845	aca gtt aaa Thr Val Lys 8850	102314
taa gtgcaacttt tgcttatatt ttacatacaa acttgtgtgt accatagatg			102367
aacacatttt tatttggttt gaattattaa acttaagac atg gcc Met Ala Val Asn Gly 8855			102421
gaa aga gct gtc cat gat gaa Glu Arg Ala Val His Asp Glu 8860	aac ctg ggt gtg tta Asn Leu Gly Val Leu 8865	gac aga gaa Asp Arg Glu 8870	102466



tta atc cgc gct caa tca atc caa gga tgt gtc gga aac cct caa	102511
Leu Ile Arg Ala Gln Ser Ile Gln Gly Cys Val Gly Asn Pro Gln	
8875 8880 8885	
gaa tgt aat tcg tgt gca ata acc tca gca tcg cgg ttg ttt ctc	102556
Glu Cys Asn Ser Cys Ala Ile Thr Ser Ala Ser Arg Leu Phe Leu	
8890 8895 8900	
gtg gga cta caa gca agc gtt atc acg tcc ggg tta att tta caa	102601
Val Gly Leu Gln Ala Ser Val Ile Thr Ser Gly Leu Ile Leu Gln	
8905 8910 8915	
tat cac gtc tgc gaa gct gcc gtc aat gca act att atg ggg ttg	102646
Tyr His Val Cys Glu Ala Ala Val Asn Ala Thr Ile Met Gly Leu	
8920 8925 8930	
atc gtc gtt tcg ggg tta tgg cca aca tcc gtg aaa ttt cta cgc	102691
Ile Val Val Ser Gly Leu Trp Pro Thr Ser Val Lys Phe Leu Arg	
8935 8940 8945	
aca tta gca aaa ttg gga cga tgt ttg cag acg gtg gtc gtg ttg	102736
Thr Leu Ala Lys Leu Gly Arg Cys Leu Gln Thr Val Val Val Leu	
8950 8955 8960	
ggt ttt gct gtg tta tgg gcg gtt ggt tgc cca ata tcc cgg gat	102781
Gly Phe Ala Val Leu Trp Ala Val Gly Cys Pro Ile Ser Arg Asp	
8965 8970 8975	
ctt cca ttt gta gaa tta ctg gga att tcc ata tcc gcg att acc	102826
Leu Pro Phe Val Glu Leu Leu Gly Ile Ser Ile Ser Ala Ile Thr	
8980 8985 8990	
gga aca gtg gct gct gtg cat atc cat tac tac aac ttt gtt acg	102871
Gly Thr Val Ala Ala Val His Ile His Tyr Tyr Asn Phe Val Thr	
8995 9000 9005	
aca ttc aat gga ccg cat att tat ttt tat gtt atg atg ttg gga	102916
Thr Phe Asn Gly Pro His Ile Tyr Phe Tyr Val Met Met Leu Gly	
9010 9015 9020	
act ggg ttg gga ggt tta cta acc gtt att tta tat atg tat gtc	102961
Thr Gly Leu Gly Gly Leu Leu Thr Val Ile Leu Tyr Met Tyr Val	
9025 9030 9035	
agt aaa tat gag gtt ctt att gga ttg tgt ata tct att gtc aca	103006
Ser Lys Tyr Glu Val Leu Ile Gly Leu Cys Ile Ser Ile Val Thr	
9040 9045 9050	
cta gtt tca att gtc gat gcc gcc acc gat ttg caa gat acg tgt	103051

Leu Val Ser Ile Val Asp Ala Ala Thr Asp Leu Gln Asp Thr Cys 9055 9060 9065	
ata tat cgt aaa aat cgc cat aag caa tta aac act tat aca gat Ile Tyr Arg Lys Asn Arg His Lys Gln Leu Asn Thr Tyr Thr Asp 9070 9075 9080	103096
tta ggt ttt gcc gtt gta tat aca caa aat gac cgc ggg aga gta Leu Gly Phe Ala Val Val Tyr Thr Gln Asn Asp Arg Gly Arg Val 9085 9090 9095	103141
tgt gac cat cga gaa agt tcc cgg acc ctt aaa cgc gtg ttt aaa Cys Asp His Arg Glu Ser Ser Arg Thr Leu Lys Arg Val Phe Lys 9100 9105 9110	103186
gga att cgt ata atg tct gtt ata ccc ccg gtg tta tat ata gtt Gly Ile Arg Ile Met Ser Val Ile Pro Pro Val Leu Tyr Ile Val 9115 9120 9125	103231
acc cca tta atg tgg gca atc tca cat ata att aaa tta aat cat Thr Pro Leu Met Trp Ala Ile Ser His Ile Ile Lys Leu Asn His 9130 9135 9140	103276
ttt atc aaa ctt aca caa gta acg tta gca gtt tca ata gga ggt Phe Ile Lys Leu Thr Gln Val Thr Leu Ala Val Ser Ile Gly Gly 9145 9150 9155	103321
cat att ata gca ttt ggg tta cag ggt ttt gcc gtt tta tat caa His Ile Ile Ala Phe Gly Leu Gln Gly Phe Ala Val Leu Tyr Gln 9160 9165 9170	103366
gaa aaa aaa aac cta tgg gta att gta tta tat aca acg acc tcg Glu Lys Lys Asn Leu Trp Val Ile Val Leu Tyr Thr Thr Thr Ser 9175 9180 9185	103411
gtg acg ggt ata gct gta aca ttt gcc ggc att tca tgg gga gct Val Thr Gly Ile Ala Val Thr Phe Ala Gly Ile Ser Trp Gly Ala 9190 9195 9200	103456
att ata att cta aca tca aca gtt gcg gcg ggt ttg acg tgt att Ile Ile Ile Leu Thr Ser Thr Val Ala Ala Gly Leu Thr Cys Ile 9205 9210 9215	103501
cag atg atg aga cta agc gtt aaa cct att gac tgt ttt atg gca Gln Met Met Arg Leu Ser Val Lys Pro Ile Asp Cys Phe Met Ala 9220 9225 9230	103546
tct cat atc act aaa gta tat cac gtg tgt gtt tat att ata ata Ser His Ile Thr Lys Val Tyr His Val Cys Val Tyr Ile Ile Ile 9235 9240 9245	103591

aat cta tgc tat cta tgt ggt aca tat gta tcg taa tcgagataaa 103637  
 Asn Leu Cys Tyr Leu Cys Gly Thr Tyr Val Ser  
 9250 9255

taaagttttt aaagttgcaa aagccgtttt tattattccc aatgtcgaaa aaaacgtttc 103697

catcatttaa attccgcggt gggtgtttta atcttttatt taaggggagc gtggatgtgt 103757

caataaaaac cagg atg aag cgg ata caa ata aat tta att tta acg 103804  
 Met Lys Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ile Leu Thr  
 9260 9265 9270

atc gcg tgt ata caa tta tcg act gaa tct caa ccc aca ccc gta 103849  
 Ile Ala Cys Ile Gln Leu Ser Thr Glu Ser Gln Pro Thr Pro Val  
 9275 9280 9285

agt ata act gaa tta tat acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat 103894  
 Ser Ile Thr Glu Leu Tyr Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp  
 9290 9295 9300

ccc gcc gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc 103939  
 Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro  
 9305 9310 9315

gcc gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc 103984  
 Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala  
 9320 9325 9330

gtc gcg ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc gtc 104029  
 Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val  
 9335 9340 9345

gcg ccc acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg 104074  
 Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala  
 9350 9355 9360

ccc acc tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg ccc 104119  
 Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro  
 9365 9370 9375

acc tcg gcc gct acc cga aag ccc gat ccc gcc gtc gcg ccc acc 104164  
 Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr  
 9380 9385 9390

tcg gcc gct tcc cga aag ccc gat ccc gca gcc aac acc caa cat 104209  
 Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Ala Asn Thr Gln His  
 9395 9400 9405

tca caa cca cct ttt cta tat gaa aat ata caa tgc gtt cac ggc 104254

Ser	Gln	Pro	Pro	Phe	Leu	Tyr	Glu	Asn	Ile	Gln	Cys	Val	His	Gly	
				9410					9415					9420	
gga	ata	caa	tcc	ata	ccc	tat	ttt	cac	aca	ttt	atc	atg	cct	tgt	104299
Gly	Ile	Gln	Ser	Ile	Pro	Tyr	Phe	His	Thr	Phe	Ile	Met	Pro	Cys	
				9425					9430					9435	
tac	atg	cgt	cta	acg	acc	gga	caa	cag	gcg	gcc	ttt	aag	cag	caa	104344
Tyr	Met	Arg	Leu	Thr	Thr	Gly	Gln	Gln	Ala	Ala	Phe	Lys	Gln	Gln	
				9440					9445					9450	
caa	aaa	aca	tat	gaa	caa	tat	tct	tta	gat	ccg	gaa	ggt	tca	aat	104389
Gln	Lys	Thr	Tyr	Glu	Gln	Tyr	Ser	Leu	Asp	Pro	Glu	Gly	Ser	Asn	
				9455					9460					9465	
ata	aca	agg	tgg	aag	tcg	ctt	ata	cgc	ccc	gat	ctt	cat	att	gaa	104434
Ile	Thr	Arg	Trp	Lys	Ser	Leu	Ile	Arg	Pro	Asp	Leu	His	Ile	Glu	
				9470					9475					9480	
gtt	tgg	ttt	acg	cgt	cac	ctt	ata	gat	ccg	cac	cgt	caa	ctg	ggc	104479
Val	Trp	Phe	Thr	Arg	His	Leu	Ile	Asp	Pro	His	Arg	Gln	Leu	Gly	
				9485					9490					9495	
aat	gcg	tta	ata	cgc	atg	cca	gat	tta	ccg	gtt	atg	tta	tat	agc	104524
Asn	Ala	Leu	Ile	Arg	Met	Pro	Asp	Leu	Pro	Val	Met	Leu	Tyr	Ser	
				9500					9505					9510	
aac	agt	gcc	gat	tta	aac	tta	ata	aac	aac	cct	gag	ata	ttt	aca	104569
Asn	Ser	Ala	Asp	Leu	Asn	Leu	Ile	Asn	Asn	Pro	Glu	Ile	Phe	Thr	
				9515					9520					9525	
cac	gct	aag	gaa	aat	tat	gta	ata	cca	gat	gtt	aaa	aca	acg	tct	104614
His	Ala	Lys	Glu	Asn	Tyr	Val	Ile	Pro	Asp	Val	Lys	Thr	Thr	Ser	
				9530					9535					9540	
gat	ttt	tct	gta	aca	att	tta	tct	atg	gat	gct	acc	acg	gag	gga	104659
Asp	Phe	Ser	Val	Thr	Ile	Leu	Ser	Met	Asp	Ala	Thr	Thr	Glu	Gly	
				9545					9550					9555	
acg	tat	att	tgg	cga	gtc	gtt	aat	aca	aaa	act	aag	aac	gtc	ata	104704
Thr	Tyr	Ile	Trp	Arg	Val	Val	Asn	Thr	Lys	Thr	Lys	Asn	Val	Ile	
				9560					9565					9570	
tcg	gaa	cac	agt	att	aca	gtt	aca	acg	tat	tat	cgt	cca	aat	att	104749
Ser	Glu	His	Ser	Ile	Thr	Val	Thr	Thr	Tyr	Tyr	Arg	Pro	Asn	Ile	
				9575					9580					9585	
acc	gtt	gtc	ggc	gat	cca	gtc	tta	acc	gga	cag	aca	tac	gca	gcc	104794
Thr	Val	Val	Gly	Asp	Pro	Val	Leu	Thr	Gly	Gln	Thr	Tyr	Ala	Ala	
				9590					9595					9600	

tac tgt aac gta tca aag tat tat cca ccg cac tcg gta cgt gtt Tyr Cys Asn Val Ser Lys Tyr Tyr Pro Pro His Ser Val Arg Val 9605 9610 9615	104839
cgg tgg act tca agg ttt ggt aac atc gga aaa aat ttt ata acc Arg Trp Thr Ser Arg Phe Gly Asn Ile Gly Lys Asn Phe Ile Thr 9620 9625 9630	104884
gat gca ata caa gaa tat gcc aat gga tta ttt agt tat gtt tcg Asp Ala Ile Gln Glu Tyr Ala Asn Gly Leu Phe Ser Tyr Val Ser 9635 9640 9645	104929
gcg gta cga att cca cag caa aaa caa atg gat tac cca ccc cca Ala Val Arg Ile Pro Gln Gln Lys Gln Met Asp Tyr Pro Pro Pro 9650 9655 9660	104974
gcc atc caa tgt aat gtt tta tgg att cgg gat ggc gtc tct aat Ala Ile Gln Cys Asn Val Leu Trp Ile Arg Asp Gly Val Ser Asn 9665 9670 9675	105019
atg aaa tat tct gct gtc gtt acc cct gac gtc tat cca ttt ccc Met Lys Tyr Ser Ala Val Val Thr Pro Asp Val Tyr Pro Phe Pro 9680 9685 9690	105064
aac gtg tct ata ggt att att gat gga cac ata gta tgt acg gca Asn Val Ser Ile Gly Ile Ile Asp Gly His Ile Val Cys Thr Ala 9695 9700 9705	105109
aaa tgt gtg cca cgt ggc gtt gta cat ttc gta tgg tgg gtt aac Lys Cys Val Pro Arg Gly Val Val His Phe Val Trp Trp Val Asn 9710 9715 9720	105154
gat tct ccc att aac cac gaa aac agt gag att act ggg gtg tgt Asp Ser Pro Ile Asn His Glu Asn Ser Glu Ile Thr Gly Val Cys 9725 9730 9735	105199
gat caa aac aaa cgg ttt gta aac atg caa agt tct tgt cca aca Asp Gln Asn Lys Arg Phe Val Asn Met Gln Ser Ser Cys Pro Thr 9740 9745 9750	105244
tcg gaa ctc gac gga cct atc acc tat tcg tgt cat cta gat ggt Ser Glu Leu Asp Gly Pro Ile Thr Tyr Ser Cys His Leu Asp Gly 9755 9760 9765	105289
tac cct aaa aaa ttc cct ccg ttt tcg gcc gtt tat acc tac gat Tyr Pro Lys Lys Phe Pro Pro Phe Ser Ala Val Tyr Thr Tyr Asp 9770 9775 9780	105334
gca tct acc tac gcc act aca ttt tcc gtt gta gca gtt ata att	105379



Ala Ser Thr Tyr Ala Thr Thr Phe Ser Val Val Ala Val Ile Ile  
9785 9790 9795

ggt gtg ata tct atc ctt ggg aca ttg ggt ctt atc gca gtt atc 105424  
Gly Val Ile Ser Ile Leu Gly Thr Leu Gly Leu Ile Ala Val Ile  
9800 9805 9810

gca acc cta tgc atc cgt tgc tgt tca taa acagaaacca accaaacgcg 105474  
Ala Thr Leu Cys Ile Arg Cys Cys Ser  
9815

tctgtgtata tcattttatt acattcgcaa cacatctact gtcttgacaa catttaaaaa 105534

tccattaaag agccatttcc atttttaggg gggggtgtgg attatatcca tcaagctgaa 105594

aatcgtccca tttaaagtcg tttatatctg ttacatttcg aataatttta aggcaaggaa 105654

aaggtttttg ggatcgagct agctgcactt ttaaagcatc tatatgattc aagtaaatat 105714

gtgcatcccc cattgtatga attaaatctc cggttttaag tcctgtaaca tgcgctacta 105774

tgtaggtaag aagtgcataat ccagcaatgt tgaacggtac cccaaggccc atatcccccg 105834

atctctggta tacttggcag gataattcac cgtttgcaac gtaaaactga cataacgtgt 105894

gacatggagg tagtaccatt aaggggatat cctttggatt ccaagacgat ataatcattc 105954

gtcggctttc tgggtttgtt ttaattgtat ctataacagt ttgcagctga tcgattcctt 106014

gctgtaaata gtttgattga cagtctttat attccgctcc aaaatgtctc cactggaagc 106074

cgtaaattggg gccaaaggctc cccgtgtgtc ttttatggaa gccattccta tttagaaatt 106134

tgctcgatcc gtatatatcc catatgtgta tatcttttagc ggcgagttct ttggaatcgg 106194

ttgacccgcg gataaaccat aacaactctt ccacgacggc cctccaaaaa acacgctttg 106254

tagttaaaag aggaaattca tttcgcaaatt tgtatcgagc ttgcattcca aataaagata 106314

acgttccgat tcctgttcga tcgcgtttcc gaactccata ccttaaaata tcatccactt 106374

gttttaagta ctgaagttcg ccggttaacg taaaaccgga cacctttgtc caacatgaca 106434

agtctcccat ggtaccggta ataatcggtt aatacaaacg accacttgat attgtgggta 106494

cattaagtaa aatttaaagg agtaattcct tttataaccc aatcaaccaa tcagaccttt 106554

aaataacgca gtccaattat tgaacagaaa atacgcaata gactattttc tcccaaatcc 106614

cccaatttta acctggttgt ggaaatgacc gccaaagtgc ctagtccata actatctatt 106674

aaccgctgta cttaatgatg actccttaggc gtatTTTTcc taaacgtaac cgtggTTTTa 106734  
catctaacgg gaacgtcggtt gggTataaaa tctggTgata agtcatcgtc tgtatgcatg 106794  
tctccggagg tgtacccggtt aaggctatcc acatccagggt ctgaagatga gttaaaaccc 106854  
acttccttgg gtggTatatt ttcatatacg tgatcattta aagatgcttg ggtttctatg 106914  
tgacgtaaTt ccgatctttg gtcaaacatt gtgtttgatt catcccgaac cggaccttca 106974  
tattccgcct ttatccgggt gTaatgatca ggatacgTtg ggtcaactgg actaccgtcc 107034  
gtatggccta tgtccagaca gtggTTTTtt cggacagtta catccaaacc cgtgtctgga 107094  
cgaactaaaa cgcgagaagt ccgctgtcta tttgtatcgg gtgctatact gtttaacggT 107154  
gcttctgtat taattacatg cgaacttgca tttacgtcgt cagataaata atttcccgtt 107214  
aaacagacac attccaaatt ccctatacct gtccctattg gagatcccag tcgattaaaa 107274  
cgaatatacg gctgatcaga cacactcgat ggTtcggata tacgtcttaa atgtaacgga 107334  
gtataccgtt tactggcggc aagaacctga gcataatact ttgtgggttt acccccatgt 107394  
gctaaaatac tctgcgccac ggcccgggaa aaccacatat gggTgctggT ctctaacaca 107454  
acccaactgt gtgttgacat tgttctgacc aactgaccg caaaatataa aaaccgtccc 107514  
tgggcacgta gcgcctttta tatataagga tcgtttaatc ccccatcccc ccaacatgca 107574  
tatccaataa gcatcatatt aattaagtat tgaaaatggT ggtgcaaaag cgtaataagt 107634  
tcaaccgccg caacaattgc agctgcgggt ccatttaaac catcccgcca ctcttccttt 107694  
cgccataata cactaatacg caaaagcgca gtaagagcgc tggcagttgt tgctgctaaa 107754  
ataaacgcaa ctctgtgcc cgctgagacc gcaggaccg tttttaaatg tcgtctaagc 107814  
aatcatctg gaataacaga cgcgcgcggc cctcgaatcc gtcgaaattg aagtttgaga 107874  
tggcgacata ccctggcgtc cacaacgtcc aagaaccata acatccacc gtagccagta 107934  
gccgtgtaag ccgcaatttc ttgtacacgt attcttgtat ccgggctggg gtttgtagga 107994  
tcatctggac gcataaaata catatacttt tgcacagctc ctaacgcctc acgtagctcc 108054  
tgacatatc cccggtaatc cgaatttata actttagatt taaaaggatg tctggatatt 108114  
ggtttattgg caactacgga tgaaaacaac aaaaccgtgg atttagactt tttatttacc 108174

ttctctgaag tcaccggtac ctcggctcct gtggtgtatt tgagatactg ccaatatgta 108234  
ttttcataaa cccaccaaag tccatcccca gaaagtttca ggtcatccaa acatctttga 108294  
attgtttcca tataacgctg cataaaccgg tcatgaacat cgtagacat acacgagacc 108354  
accaacgatt caggaacatt attatggtgt aatccaagca gaacactgtg tctttcggta 108414  
ctttgtaaaa ccggcgatgt taggctgtcg gtcttttcag ataaagcctt taccgccgtc 108474  
tccaaagcct cgccgggctg tggaataaga catccatccc tcacgcgctc gctggttatg 108534  
cgttgggaaa tagaacacca gtcccgggta ggtgtgggca aatcacgttc gccggcatta 108594  
aaactttggt aactaccatc ataagattta cgcgttctat catcgctgga aaaggaacgc 108654  
gcaaaccgag aaaacattgc gatatggaca aattatatct tgtaaaggct gatcctcacg 108714  
gacccccac acaacacaca caacaaatit taaggtctaa acagagattt tattttacaa 108774  
actcctttgt ggggtgtggct aggaaacgtt cttttcatcc taatgaaaaa aatcacaacc 108834  
cttaatatit tcgtagtaaa tgcatggcta cgcttttcca atccaaaccc agaatttcat 108894  
tcctgtattg cataagattt tcggctaggt ccacggaggg aatgggctgt tctcggggat 108954  
agatggtctc caatcccaca aaacggaagt tcattcttat aggtgatgcc tgaactatcc 109014  
tgtcttgctc tttgggtaaa acgtccgttg tcggtcgaat ccccaaagtt tgcattgcat 109074  
catcgcggtc tttccaaaag gatgttaaag tttggtgagc gtaaagagga cttgctgcca 109134  
acattaaagt attatatgca tctaaaatac ctcgggggat gtaaattgaa catcctccgt 109194  
acaacgcagc accggagaga agcaacaaaa gaagatttgc atgaccaac acccgttgta 109254  
acaataaaac ggccccagg tacgcgctta ccattaaatc ggtctcactt tccttataac 109314  
aatcggcaaa ctctatcata aaatttgtgg ctgctgtgcg aacagcctca tatccggtta 109374  
attcgtgtgc aatagttgcg taggattcac aaacagttgg gaggtcgacc tcgcctaaca 109434  
gtaatacctc taaatcacat aacaggtcac tattaaccgg gatatagtaa tagggcagag 109494  
attcacagac cgcgatgtaa gccgaacggg aatggtaagg agcagctaaa tacattgcag 109554  
ttgctctaca gatccagttc aacattcctc caccaagagt aacatacaac gtaaaaaatg 109614  
acgctaacat ttcccgttcc gttggggtaa attgtggctt taaactatgt gtacgtgaaa 109674

ataaaaacca ttcggcaagt tccatgtgac cggtagcata tcgcaccaa gatgtagatg 109734  
gttcacttat agcaattctt agttcgggcc aatatgccaa cgccccaaaa aaaccacgca 109794  
taatggcaac cgttggaccc cgatttggca aaaccaactg tgtcacttgg agtacgtcgg 109854  
gtacggcttc tcgtggtaat ccggcaagat ggtcttctaa ccaacatgga tccccacgc 109914  
caaaattatc gttacgtccc aaaaaatac agtttgcgct aatacgaatt gccgcgtcta 109974  
acaaaaatcc taatccatct ccatgtgaaa tgcgattaga aatagcgcat gctgctgtgg 110034  
ataatatcat gtgatgccaa atggccgttc cttggcccac agcacgtaag gacacgtcat 110094  
aaaaccagg aatgtgttgt acatacattt taccgcatt atatggaagt gcgtagacgg 110154  
aattccaacg cgggccgtat ttatgtgttt tactggaagc ccgcctatct aaaaatacat 110214  
cttcaactaa aatacgttct atagaaattg gctgggcat aaattcaata ggaaaaatca 110274  
ataaaagttc accaagtgtc atgttaggaa gggctggtat agttctcaaa atctgtgggg 110334  
gtgtcatccg ggaagtatca aactgatacc gtaaataaat tgggtcgtat aatccttgga 110394  
ccgtaatata ttcgcgacgg gtacattcgc gcatagcaaa ccaggactca tcaaaccat 110454  
tatgcgctaa catagagcct gttagggtaa caggttcaac acaacgtttt gatacattaa 110514  
gttcctttga taccgcaggc tccataacct ttgcaatgcg aagatcggtc ctgtaactta 110574  
tttccgggtc taacgtaaaa taaacctcat ccgcgtctcg actgcaaact tgacttacag 110634  
aaaaataatc ctctccgcc tctccctcgt cgtcgatcgc gtcctcctcc gccgcgtcct 110694  
cctccgcctc tccctcgtcg tcgatcgcgt cctcctccgc ctctccctcc tccgcctctc 110754  
cctcctccgc ctctccctcc tccgcctctc cctcgtcgtc aatcgcgctc tcctccgcct 110814  
ctccctcctc cgctctccc tcgtcgtcaa tcgcgtcctc ctccgcctct ccctcctccg 110874  
cctctccctc gtcgtcgatc gcgtcctcct ccgcctctcc ctctccgcc tctccctcgt 110934  
cgtcgatcgc gtccgtattg atgttgattt cctcattagc ttccctctcc gttaatthaa 110994  
atatgcgatt ttcattgtctg gaagttgatg tattttgttc ggatccatta tatgtagaat 111054  
gatgtaaggc gtatcccga aaatcatccg atgcgtcaga actgctgtcc tgatccatct 111114  
cggagttcag tagttcttga accgcaacta atgtttctga attggacaat atctgggggtg 111174



ggtgtgtata ccaattgggtt gaccgataac gtgttccgtg tgtgtgacgg ggggagtctg 111234  
tggtattaga cgatatccgc tgtcggcggg attgcctccg gttataatga cccgactgca 111294  
tacttataac cgagacaaac aaacgcgcct gtaaaacatc ccagggtcgc ggtacgcaat 111354  
acgcatacac tcgttggggc ttcttttata tatgggactt tagagcacat gacagacata 111414  
ccatatacgg cgcatgttaa aaataaaaaa cgcatgcacg ttttcgtaat ttatttacac 111474  
cctctacccc aatgacgttt aacgcgttaa aaaccacac gtgggtgggc gtgggtgggtc 111534  
ccccggcagg atctcggatg gggacggagg tgctaaaatc atagcttcga tgctactacc 111594  
gtagtttcta ttttcaacaa cttttgcgta aggatgatcc gctcgtacat gtctcggttc 111654  
ttgaggatgt ttgaccgcat atgcgtctaa cttacgctta atgtgggtggg taagaaaacc 111714  
caccgaccgt ggtaaataa ccgaaaatga gggttgttga accaacggag atttgttttc 111774  
ttcaacaaga ccacatctaa ctagaggcag tcccagttct cggcggcggg aattttatttc 111834  
cctcaaggca gacgctgtta gtggtttccc ttctaataac acaatgccgt ggttgcataa 111894  
tacaggatga aacgcacacg tgaactgtcg acgttcggtc cagggtgaatt ttaaagccgc 111954  
aaacacgtcc ggggtgtgcag attgactggc gtacaaacgc caggaaaatt cacgcgttac 112014  
ggttaaatat aaatgtaggt acagaagacg cgccaaactt gccacctcac gataatatct 112074  
aagtagaata ctttgcctga gttgcgtgta agctttctgg tcagggtttt gtatattaag 112134  
acctattgtc gtccttttcg ccgttccttg gagataacgt ataatcgatt tacaataagt 112194  
aactagtagt tttgtgtatg cttcttcccg ggcgcgtagt tctacggtaa acgaatcctg 112254  
gacctcctga acgtaagctg gaagccccgt cggttgcttt ggtggactag gcaatcgaac 112314  
ggaaccccgg gttgttaaata taaacatttc aacatgggtc ttggttgaaa cggttgagat 112374  
aacgtcatct ggatccgggg ataaaaccat catatcgga tataggtcct cattaatagg 112434  
aaaacatgag aataaatcct cgttccaggt ttcaagacat gatagtaaac gcggcccttc 112494  
tgaaaaatca agatcccgt ttaactgttg atataaaatt ttagggctag ctaccaagg 112554  
cggagacgga gcagttttta ctgcatgtga atataacgac gtttcaaata caatatccga 112614  
tgctacatca ccaacaacg attcatcaaa tgcgtccaca accgcttggt ccgttttact 112674



acgattccac gtatctgtac taggatgttc ggttcctaaa ttacactcca tacttataga 112734  
gtaaaatctt tagtttaaata aagcgattcc ctttatcaaa acccgccgtc taatgggggtt 112794  
tgtttggtag caactgatta taaactgttc ataataccac gtggtactat ttaaacagtt 112854  
tataatatgt gacatataat acacatttat aataaacaca aaccacgact gtctttttata 112914  
cgtttatatta ttatacataa taccgggtaa accgttactg cgtaattata tccctatattt 112974  
cgcgatatcag ttcttgatgc agaacgggcc ctacttcgat tagttatacg cccagtcggtt 113034  
tgtgtatccg ttcgactttt tggcttacga acttgtgcgt acatagggtc attacccatg 113094  
ccccctgta aatctccagt ttttcgatta tgtccacggtt tggataccga tgctccttca 113154  
cctaggctctg cttcattagc ggcttgtatt aaatttaaac cctcatgcac cgtaatacga 113214  
ataacggctc cggttaacaa acgggtctaata tcggcggttat tccttggggg attactattc 113274  
caagccgctt cggcagcctt ttgtgcctgc atggcggcta cgcgccggac cgcttcacaa 113334  
aagacgcgtt tgttatatga tggcgtagga ccgcaccacg agcttggtgc ggttttttgtt 113394  
gcagtgcctga aggaaattgg tctcccgtg gcaattgcgc ctgctcccgg gggagctcgc 113454  
ttcgggtgaat cctctaattt aggtttaacc gccgcatttt tagtaaaaga tctagatggt 113514  
ttttctacac ttagcgggtt ttcataataca gcactttcaa ccagttcatg tctcaaacgg 113574  
gcctcccgaa aggcgccac tacttcatcg atgtcttcaa agtcatcttc cgatccgctg 113634  
gagtcgtttg gttgatgtac gcgaggggtc gtatttttat gttcaaaata aagatccgcg 113694  
tacactggag aaggagaatc ggccccaaact gtggtaatgt aaccaacga gtcgtctgaa 113754  
tcatcggggg gtcctacgac cacacttcgc cgcgcggttc gatattgtcc ggaataacta 113814  
ggcgttgttt tacgacgcac tgcattagag cgacaaagtc tgtcaccgtc ggaagatgcc 113874  
attacgtaaa taaacgatag ggtcgtgaaa tatccaaaca cggcagaccg cgtattaaac 113934  
aggggccctc ttatacacgc ctgccccttt tataggcaaa cgggtttacc acgtgctgcg 113994  
taatacagaa cgagtaaata accggaaaca cgcatgataa gctaacgaaa taagggtctac 114054  
acacaccccc aaaagggtatg cgtagaagaa aagggtggtg atcattgatc cgtcgatata 114114  
aactccacga gccgaacagc tggcatgcca aaaattccgt tctgcaaagt ttggctcccc 114174

actgctgtct tcacaaaaaa ataaaatttg catcggttatt aat atg aac gaa gcg 114229  
Met Asn Glu Ala  
9820

gta att gat ccc atc ttg gaa acg gca gta aat aca ggt gat atg 114274  
Val Ile Asp Pro Ile Leu Glu Thr Ala Val Asn Thr Gly Asp Met  
9825 9830 9835

ttt tgt agc caa act att ccg aat cgg tgt tta aaa gat aca att 114319  
Phe Cys Ser Gln Thr Ile Pro Asn Arg Cys Leu Lys Asp Thr Ile  
9840 9845 9850

tta ata gaa gtt caa cct gaa tgt gca gat acg ctg caa tgc gtg 114364  
Leu Ile Glu Val Gln Pro Glu Cys Ala Asp Thr Leu Gln Cys Val  
9855 9860 9865

tta gac gat aaa gta agt cga cat caa ccg ttg tta ctc cgg aac 114409  
Leu Asp Asp Lys Val Ser Arg His Gln Pro Leu Leu Leu Arg Asn  
9870 9875 9880

cac aag aaa ctc gaa ctg cca tct gaa aaa tct gta aca cgg ggc 114454  
His Lys Lys Leu Glu Leu Pro Ser Glu Lys Ser Val Thr Arg Gly  
9885 9890 9895

ggt ttt tat atg cag cag ttg gag ctg ttg gtt aag tcg gcg cct 114499  
Gly Phe Tyr Met Gln Gln Leu Glu Leu Leu Val Lys Ser Ala Pro  
9900 9905 9910

ccc aat gaa tac gca ctg ttg tta att caa tgc aaa gat act gcc 114544  
Pro Asn Glu Tyr Ala Leu Leu Leu Ile Gln Cys Lys Asp Thr Ala  
9915 9920 9925

ctt gct gat gaa gac aat ttt ttt gtc gcc aac gga gtt att gat 114589  
Leu Ala Asp Glu Asp Asn Phe Phe Val Ala Asn Gly Val Ile Asp  
9930 9935 9940

gcg ggt tac aga gga gta att tca gcc ctt ttg tat tac cgg cca 114634  
Ala Gly Tyr Arg Gly Val Ile Ser Ala Leu Leu Tyr Tyr Arg Pro  
9945 9950 9955

gga gta acc gtt att tta ccc gga cat tta aca atc tac ttg ttc 114679  
Gly Val Thr Val Ile Leu Pro Gly His Leu Thr Ile Tyr Leu Phe  
9960 9965 9970

ccg gta aaa tta aga caa agt cgc ctt ctc cca aaa aac gtt ctt 114724  
Pro Val Lys Leu Arg Gln Ser Arg Leu Leu Pro Lys Asn Val Leu  
9975 9980 9985

aaa cat ctg gat cca att ttt aaa tcg ata caa gtt caa ccc tta 114769

Lys His Leu Asp Pro Ile Phe Lys Ser Ile Gln Val Gln Pro Leu  
 9990 9995 10000

tca aac tcg ccg tca aat tat gaa aaa ccc gtt ata cct gaa ttt 114814  
 Ser Asn Ser Pro Ser Asn Tyr Glu Lys Pro Val Ile Pro Glu Phe  
 10005 10010 10015

gct gat att tcc acg gta cag cag ggg caa cct tta cat agg gat 114859  
 Ala Asp Ile Ser Thr Val Gln Gln Gly Gln Pro Leu His Arg Asp  
 10020 10025 10030

tct gca gaa tac cat atc gat gtt ccc tta acc tac aaa cat atc 114904  
 Ser Ala Glu Tyr His Ile Asp Val Pro Leu Thr Tyr Lys His Ile  
 10035 10040 10045

atc aat cca aaa cgc caa gaa gac gcg gga tat gat att tgt gta 114949  
 Ile Asn Pro Lys Arg Gln Glu Asp Ala Gly Tyr Asp Ile Cys Val  
 10050 10055 10060

cca tat aac cta tat tta aaa agg aat gaa ttt ata aaa att gtc 114994  
 Pro Tyr Asn Leu Tyr Leu Lys Arg Asn Glu Phe Ile Lys Ile Val  
 10065 10070 10075

tta ccg att ata aga gac tgg gac tta caa cat ccg agt ata aac 115039  
 Leu Pro Ile Ile Arg Asp Trp Asp Leu Gln His Pro Ser Ile Asn  
 10080 10085 10090

gct tat att ttt gga aga tca tcg aaa agc cga tca ggc att atc 115084  
 Ala Tyr Ile Phe Gly Arg Ser Ser Lys Ser Arg Ser Gly Ile Ile  
 10095 10100 10105

gtg tgt cca acg gca tgg cct gca gga gaa cac tgt aaa ttc tac 115129  
 Val Cys Pro Thr Ala Trp Pro Ala Gly Glu His Cys Lys Phe Tyr  
 10110 10115 10120

gta tat aat ctc acg ggt gat gac ata cgt ata aaa acg gga gat 115174  
 Val Tyr Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile Arg Ile Lys Thr Gly Asp  
 10125 10130 10135

cgt ctt gca cag gtc ctg tta ata gat cac aac acc caa ata cac 115219  
 Arg Leu Ala Gln Val Leu Leu Ile Asp His Asn Thr Gln Ile His  
 10140 10145 10150

tta aaa cac aac gtt tta agt aat att gca ttt cct tat gct atc 115264  
 Leu Lys His Asn Val Leu Ser Asn Ile Ala Phe Pro Tyr Ala Ile  
 10155 10160 10165

cgc ggt aaa tgt ggc ata ccg ggt gta caa tgg tat ttt act aaa 115309  
 Arg Gly Lys Cys Gly Ile Pro Gly Val Gln Trp Tyr Phe Thr Lys  
 10170 10175 10180

acg tta gat cta ata gcc aca ccc agc gaa cgg gga acg cgt gga 115354  
 Thr Leu Asp Leu Ile Ala Thr Pro Ser Glu Arg Gly Thr Arg Gly  
 10185 10190 10195

ttt ggt tca act gat aaa gaa aca aac gat gtc gat ttt cta cta 115399  
 Phe Gly Ser Thr Asp Lys Glu Thr Asn Asp Val Asp Phe Leu Leu  
 10200 10205 10210

aaa cat taa atgtaataac cacgccagcc agcaatgttt taattttata 115448  
 Lys His  
 10215

tacaaaataa aaacatacac cagaaacgtt tttagttttt atttcaatat ttatacaagc 115508

ataacatggg atttcttgat cgcggggggtt gtgcgttgta catcttgcgt ctgttttggg 115568

gtcaacacgg gctgaagagt ttctgtcgga tacgtttttt ttgttaggtt agatgtgtta 115628

ttatccgata cttctataag tgggggttta atttcagata attgtgtcgc ctccgattta 115688

ataggtgatg tttttaaac caccattttcc cctttagcta tagataattc atggttgtgg 115748

gaaacatcaa acgatgcctg aggttttagca acgaccccaa gagttttctc caaaagaaca 115808

acatcagaca tgaccacttc actttcagcg gtcatttctca gggtttgatc gacaatatca 115868

tccgtagtaa catccaccgc gccaacccgat aaatacaaat gggtaattgc agctaaacac 115928

atatcagcaa gccgttttga gttttccatg tgtgaacgga ccacggcggtt aagaccgggg 115988

ttatcttcag taaaatgggtg ctgtttttaa cattcaatgt tacgagaaca tgcagcgtaa 116048

gttcgcgcca aagcctgggc gcggaccaa cgacgggtat tatctgcaga agcgactacg 116108

tcttctaacg ttagaggtgc aggcaataat ccattcacag cggttaaagc ctcttggagg 116168

cggagcaggg cggctccttg ggggtgcgtg ttacacgca cctcttcata agatggctct 116228

tcagttggta ttcgagcata tccacataag ctggcacaca ccgtctgcat gattgactgg 116288

ctttccaacg tattgaact atg gat aaa tcc tcc aaa ccg acg att cgg 116337  
 Met Asp Lys Ser Ser Lys Pro Thr Ile Arg  
 10220 10225

tta tta ttt gcc aca aag gga tgt gca atc tcc cac tcg ctg ttg 116382  
 Leu Leu Phe Ala Thr Lys Gly Cys Ala Ile Ser His Ser Leu Leu  
 10230 10235 10240

ttg ctt acc ggg cag ata agc aca gaa cct ctg tat gtg gtg agt 116427

Leu	Leu	Thr	Gly	Gln	Ile	Ser	Thr	Glu	Pro	Leu	Tyr	Val	Val	Ser	
				10245					10250					10255	
tat	act	tgg	act	ccc	gac	tta	gat	gac	gtc	ttt	gtc	aaa	aat	ggg	116472
Tyr	Thr	Trp	Thr	Pro	Asp	Leu	Asp	Asp	Val	Phe	Val	Lys	Asn	Gly	
				10260					10265					10270	
agg	gaa	gag	atc	acg	caa	gta	atc	cca	act	aaa	cgc	cca	cgt	gaa	116517
Arg	Glu	Glu	Ile	Thr	Gln	Val	Ile	Pro	Thr	Lys	Arg	Pro	Arg	Glu	
				10275					10280					10285	
gta	act	gaa	aac	gat	gaa	gaa	aac	caa	ata	atg	cat	tta	ttt	tgt	116562
Val	Thr	Glu	Asn	Asp	Glu	Glu	Asn	Gln	Ile	Met	His	Leu	Phe	Cys	
				10290					10295					10300	
agt	agg	gac	gtc	aac	gtt	att	ttt	tat	tta	att	ggt	gga	ttt	tca	116607
Ser	Arg	Asp	Val	Asn	Val	Ile	Phe	Tyr	Leu	Ile	Gly	Gly	Phe	Ser	
				10305					10310					10315	
act	gga	gat	gta	cga	tcc	cgg	gtc	tgg	cct	ata	ttt	ttt	tgt	tgt	116652
Thr	Gly	Asp	Val	Arg	Ser	Arg	Val	Trp	Pro	Ile	Phe	Phe	Cys	Cys	
				10320					10325					10330	
ttt	aaa	acc	caa	act	gat	ttt	aaa	gct	tta	tat	aag	gcg	tta	tgg	116697
Phe	Lys	Thr	Gln	Thr	Asp	Phe	Lys	Ala	Leu	Tyr	Lys	Ala	Leu	Trp	
				10335					10340					10345	
tat	gga	gca	ccc	cta	aat	ccg	cat	ata	ata	tct	gat	acc	cta	tgt	116742
Tyr	Gly	Ala	Pro	Leu	Asn	Pro	His	Ile	Ile	Ser	Asp	Thr	Leu	Cys	
				10350					10355					10360	
ata	tcg	gag	acg	ttt	gac	att	cac	tcg	gaa	gtt	ata	caa	act	ctg	116787
Ile	Ser	Glu	Thr	Phe	Asp	Ile	His	Ser	Glu	Val	Ile	Gln	Thr	Leu	
				10365					10370					10375	
atg	gta	aca	aca	cac	cat	tta	aac	cga	aag	gga	tta	tcg	gac	aac	116832
Met	Val	Thr	Thr	His	His	Leu	Asn	Arg	Lys	Gly	Leu	Ser	Asp	Asn	
				10380					10385					10390	
ggc	cta	tgc	atc	aca	gag	gca	aca	ctc	tgc	aag	tta	gtt	aaa	aaa	116877
Gly	Leu	Cys	Ile	Thr	Glu	Ala	Thr	Leu	Cys	Lys	Leu	Val	Lys	Lys	
				10395					10400					10405	
tcc	gtt	ggt	cgt	cag	gag	cta	aca	tca	tta	tat	gcc	cat	tac	gaa	116922
Ser	Val	Gly	Arg	Gln	Glu	Leu	Thr	Ser	Leu	Tyr	Ala	His	Tyr	Glu	
				10410					10415					10420	
cgt	caa	gta	ttg	gct	gca	tat	cga	cga	ctc	tac	tgg	ggg	tat	gga	116967
Arg	Gln	Val	Leu	Ala	Ala	Tyr	Arg	Arg	Leu	Tyr	Trp	Gly	Tyr	Gly	
				10425					10430					10435	



tgc tcg ccg ttt tgg	tat att gtt cga ttt	gga ccc tct gaa aaa	117012
Cys Ser Pro Phe Trp	Tyr Ile Val Arg Phe	Gly Pro Ser Glu Lys	
10440	10445	10450	
acg cta gtg ttg gct	aca cgc tat tac ttg	tta caa acg gac aca	117057
Thr Leu Val Leu Ala	Thr Arg Tyr Tyr Leu	Leu Gln Thr Asp Thr	
10455	10460	10465	
agt tac aat acg ttg	gaa acc ccc tta tat	gac tta cag gca att	117102
Ser Tyr Asn Thr Leu	Glu Thr Pro Leu Tyr	Asp Leu Gln Ala Ile	
10470	10475	10480	
aaa gat ttg ttt tta	act tac caa gtc ccg	gca tta cct aat tgt	117147
Lys Asp Leu Phe Leu	Thr Tyr Gln Val Pro	Ala Leu Pro Asn Cys	
10485	10490	10495	
agt ggg tac aat att	tcg gac ttg ttg tct	ttt gat aaa ctt tcc	117192
Ser Gly Tyr Asn Ile	Ser Asp Leu Leu Ser	Phe Asp Lys Leu Ser	
10500	10505	10510	
atg ttt tgt tgt tcc	tca aca tat aca cga	ggg ttg aca gcc aaa	117237
Met Phe Cys Cys Ser	Ser Thr Tyr Thr Arg	Gly Leu Thr Ala Lys	
10515	10520	10525	
aat gct cta tcg tac	att tta cag cga ata	cat aca gac aca acg	117282
Asn Ala Leu Ser Tyr	Ile Leu Gln Arg Ile	His Thr Asp Thr Thr	
10530	10535	10540	
gaa ata cac gca gta	tcg gag tat att acc	aac gat aga aaa ggc	117327
Glu Ile His Ala Val	Ser Glu Tyr Ile Thr	Asn Asp Arg Lys Gly	
10545	10550	10555	
ctt aaa gtt cca gac	cgt gaa ttt gtt gat	tat att tat ctg gca	117372
Leu Lys Val Pro Asp	Arg Glu Phe Val Asp	Tyr Ile Tyr Leu Ala	
10560	10565	10570	
cat ttt gaa tgt ttc	aat cgg aaa cag atc	gca gac cac cta caa	117417
His Phe Glu Cys Phe	Asn Arg Lys Gln Ile	Ala Asp His Leu Gln	
10575	10580	10585	
gcg gtt aca tac tca	gat ttt gtg aat aaa	ccg gtc ctc tta aaa	117462
Ala Val Thr Tyr Ser	Asp Phe Val Asn Lys	Pro Val Leu Leu Lys	
10590	10595	10600	
tca tcc aac ctg gga	aaa aga gct act gct	aat ttt ttt aat cat	117507
Ser Ser Asn Leu Gly	Lys Arg Ala Thr Ala	Asn Phe Phe Asn His	
10605	10610	10615	
gta cgt tct cgt ctc	aac atg cgt gac tat	ata aaa aag aac gta	117552

Val	Arg	Ser	Arg	Leu	Asn	Met	Arg	Asp	Tyr	Ile	Lys	Lys	Asn	Val			
				10620					10625					10630			
att	tgt	gat	gtc	act	gaa	ctt	gga	cct	gag	att	gga	cat	aaa	tat	117597		
Ile	Cys	Asp	Val	Thr	Glu	Leu	Gly	Pro	Glu	Ile	Gly	His	Lys	Tyr			
				10635					10640					10645			
aca	att	act	aaa	aca	tat	act	tta	agt	ctt	acg	tat	gcc	gca	aaa	117642		
Thr	Ile	Thr	Lys	Thr	Tyr	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Tyr	Ala	Ala	Lys			
				10650					10655					10660			
cct	agc	aag	ttt	ata	ggc	gta	tgt	gac	cta	gct	aca	acg	cta	act	117687		
Pro	Ser	Lys	Phe	Ile	Gly	Val	Cys	Asp	Leu	Ala	Thr	Thr	Leu	Thr			
				10665					10670					10675			
cgt	cgt	gtg	gaa	aac	att	gaa	aaa	caa	ttt	agt	cca	tat	gga	tgg	117732		
Arg	Arg	Val	Glu	Asn	Ile	Glu	Lys	Gln	Phe	Ser	Pro	Tyr	Gly	Trp			
				10680					10685					10690			
tcc	tcc	act	att	ccc	tca	aat	cca	ccc	ggt	ttt	gac	gaa	ttg	tct	117777		
Ser	Ser	Thr	Ile	Pro	Ser	Asn	Pro	Pro	Gly	Phe	Asp	Glu	Leu	Ser			
				10695					10700					10705			
aat	ttt	gag	gat	tcg	ggt	gtt	tcc	gcg	gag	gcg	tta	cga	gca	gcc	117822		
Asn	Phe	Glu	Asp	Ser	Gly	Val	Ser	Ala	Glu	Ala	Leu	Arg	Ala	Ala			
				10710					10715					10720			
aac	ttt	gca	aac	gat	aca	cct	aac	caa	agt	ggt	cgt	act	ggt	ttt	117867		
Asn	Phe	Ala	Asn	Asp	Thr	Pro	Asn	Gln	Ser	Gly	Arg	Thr	Gly	Phe			
				10725					10730					10735			
gat	acg	agc	ccg	ggg	att	aca	aaa	cta	tta	ctg	ttt	ttc	tct	gct	117912		
Asp	Thr	Ser	Pro	Gly	Ile	Thr	Lys	Leu	Leu	Leu	Phe	Phe	Ser	Ala			
				10740					10745					10750			
gcc	act	ggg	ata	gcc	aca	cat	gat	gta	tcc	atc	ctg	agt	tat	aaa	117957		
Ala	Thr	Gly	Ile	Ala	Thr	His	Asp	Val	Ser	Ile	Leu	Ser	Tyr	Lys			
				10755					10760					10765			
act	cca	tta	gaa	gcc	ctc	atc	ggc	cat	tct	gag	gta	act	gga	cca	118002		
Thr	Pro	Leu	Glu	Ala	Leu	Ile	Gly	His	Ser	Glu	Val	Thr	Gly	Pro			
				10770					10775					10780			
atg	cct	gta	tat	cgg	gta	gcc	ttg	cct	cac	ggc	gcc	caa	gca	ttt	118047		
Met	Pro	Val	Tyr	Arg	Val	Ala	Leu	Pro	His	Gly	Ala	Gln	Ala	Phe			
				10785					10790					10795			
gct	gtt	att	gct	aat	gat	acg	tgg	tca	tca	ata	aca	aac	cgt	tac	118092		
Ala	Val	Ile	Ala	Asn	Asp	Thr	Trp	Ser	Ser	Ile	Thr	Asn	Arg	Tyr			
				10800					10805					10810			

act tta ccg cac gag gct cga tta att gcg gag gac ctt aaa caa 118137  
 Thr Leu Pro His Glu Ala Arg Leu Ile Ala Glu Asp Leu Lys Gln  
 10815 10820 10825

att aat cca tgt aat ttt gtt gcc gct tca cta cga gat atg cag 118182  
 Ile Asn Pro Cys Asn Phe Val Ala Ala Ser Leu Arg Asp Met Gln  
 10830 10835 10840

ttg act tta cta tta tct acg tct gtt aaa aac gtt tct aaa att 118227  
 Leu Thr Leu Leu Leu Ser Thr Ser Val Lys Asn Val Ser Lys Ile  
 10845 10850 10855

tca tca aac ata ccc aaa gat cag ctt tat ata aac agg aat gag 118272  
 Ser Ser Asn Ile Pro Lys Asp Gln Leu Tyr Ile Asn Arg Asn Glu  
 10860 10865 10870

cta ttt aat aca aat ctt ata atc aca aac ctc ata ctt gat gta 118317  
 Leu Phe Asn Thr Asn Leu Ile Ile Thr Asn Leu Ile Leu Asp Val  
 10875 10880 10885

gac ttt cat ata aga aaa ccc atc cca ttg ggt att tta cat gcc 118362  
 Asp Phe His Ile Arg Lys Pro Ile Pro Leu Gly Ile Leu His Ala  
 10890 10895 10900

ggc atg cga gca ttt cgt cat ggt att tta acg gcc atg caa tta 118407  
 Gly Met Arg Ala Phe Arg His Gly Ile Leu Thr Ala Met Gln Leu  
 10905 10910 10915

ctt ttt cca aag gcc gtg gta aac cct aac aaa gac cca tgt tat 118452  
 Leu Phe Pro Lys Ala Val Val Asn Pro Asn Lys Asp Pro Cys Tyr  
 10920 10925 10930

ttt tat aaa act gca tgt cct gaa cct acc gtt gag gtg ttg gat 118497  
 Phe Tyr Lys Thr Ala Cys Pro Glu Pro Thr Val Glu Val Leu Asp  
 10935 10940 10945

gat gat aat tta ttg gat ata acc agc cat tct gac atc gat ttt 118542  
 Asp Asp Asn Leu Leu Asp Ile Thr Ser His Ser Asp Ile Asp Phe  
 10950 10955 10960

tac ata gaa aat ggc gaa tta tac acg tgt gta gaa gag aat tat 118587  
 Tyr Ile Glu Asn Gly Glu Leu Tyr Thr Cys Val Glu Glu Asn Tyr  
 10965 10970 10975

aca gag gat gta tgg ttt ttt gat aca cag aca acg tct gaa gtc 118632  
 Thr Glu Asp Val Trp Phe Phe Asp Thr Gln Thr Thr Ser Glu Val  
 10980 10985 10990

cat aca cac gcc gat gta tca aac aat gaa aac ttg cat gaa act 118677

His	Thr	His	Ala	Asp	Val	Ser	Asn	Asn	Glu	Asn	Leu	His	Glu	Thr		
				10995					11000					11005		
cta	ccc	tgt	aac	tgt	aaa	gag	aaa	ata	ggt	ttc	agg	gta	tgc	gta	118722	
Leu	Pro	Cys	Asn	Cys	Lys	Glu	Lys	Ile	Gly	Phe	Arg	Val	Cys	Val	11020	
				11010					11015							
cca	atc	cca	aac	ccc	tat	gcg	tta	gtg	ggg	tct	tcc	act	tta	aag	118767	
Pro	Ile	Pro	Asn	Pro	Tyr	Ala	Leu	Val	Gly	Ser	Ser	Thr	Leu	Lys	11035	
				11025					11030							
ggg	ttt	gca	caa	ata	tta	cag	caa	gcg	gtg	ttg	ctg	gaa	cgg	gaa	118812	
Gly	Phe	Ala	Gln	Ile	Leu	Gln	Gln	Ala	Val	Leu	Leu	Glu	Arg	Glu	11050	
				11040					11045							
ttt	gtt	gaa	tat	att	ggt	ccg	tat	tta	cgg	gac	ttt	tcg	ttt	ata	118857	
Phe	Val	Glu	Tyr	Ile	Gly	Pro	Tyr	Leu	Arg	Asp	Phe	Ser	Phe	Ile	11065	
				11055					11060							
gat	act	ggt	gtt	tat	agc	cac	gga	cat	agt	tta	aga	ctg	cct	ttt	118902	
Asp	Thr	Gly	Val	Tyr	Ser	His	Gly	His	Ser	Leu	Arg	Leu	Pro	Phe	11080	
				11070					11075							
ttc	tcc	aaa	gta	aca	acc	aca	ggg	acg	gcg	gtt	gga	caa	cta	ctc	118947	
Phe	Ser	Lys	Val	Thr	Thr	Thr	Gly	Thr	Ala	Val	Gly	Gln	Leu	Leu	11095	
				11085					11090							
cca	ttt	tat	gtt	gta	cct	gag	cag	tgt	att	gat	ata	tta	gcg	ttt	118992	
Pro	Phe	Tyr	Val	Val	Pro	Glu	Gln	Cys	Ile	Asp	Ile	Leu	Ala	Phe	11110	
				11100					11105							
gtg	aca	tca	cat	aga	aac	ccg	gca	aac	ttt	cat	ttt	cat	tca	aga	119037	
Val	Thr	Ser	His	Arg	Asn	Pro	Ala	Asn	Phe	His	Phe	His	Ser	Arg	11125	
				11115					11120							
ccg	cag	tcg	aac	gtt	cca	gtg	caa	ttt	att	tta	cat	aac	ctt	ggg	119082	
Pro	Gln	Ser	Asn	Val	Pro	Val	Gln	Phe	Ile	Leu	His	Asn	Leu	Gly	11140	
				11130					11135							
ggg	gaa	tac	gca	gag	ttt	ttt	gaa	cgt	aag	gtt	gcg	cgt	aac	aaa	119127	
Gly	Glu	Tyr	Ala	Glu	Phe	Phe	Glu	Arg	Lys	Val	Ala	Arg	Asn	Lys	11155	
				11145					11150							
caa	ata	ttt	agc	tcc	ccg	caa	ata	tct	tta	aca	aag	gct	cta	aaa	119172	
Gln	Ile	Phe	Ser	Ser	Pro	Gln	Ile	Ser	Leu	Thr	Lys	Ala	Leu	Lys	11170	
				11160					11165							
gag	cgc	ggg	gta	act	tgt	ctg	gac	gca	ttt	aca	ctg	gag	gcc	ttt	119217	
Glu	Arg	Gly	Val	Thr	Cys	Leu	Asp	Ala	Phe	Thr	Leu	Glu	Ala	Phe	11185	
				11175					11180							

gtc gac agc aca ata	tta gaa tct att gtg	gag cat att gct gtt	119262
Val Asp Ser Thr Ile	Leu Glu Ser Ile Val	Glu His Ile Ala Val	
11190	11195	11200	
cat ttc ccc ggg cgt	gat cgc gaa tat acc	tta aca tca tca aag	119307
His Phe Pro Gly Arg	Asp Arg Glu Tyr Thr	Leu Thr Ser Ser Lys	
11205	11210	11215	
tgt atc gcc atc aaa	agg gac tgg gtg tta	ttt cag ctc ata tgc	119352
Cys Ile Ala Ile Lys	Arg Asp Trp Val Leu	Phe Gln Leu Ile Cys	
11220	11225	11230	
gga aca aaa ggg ttc	act tgt ctt cga tat	ccc cat cgc gga gga	119397
Gly Thr Lys Gly Phe	Thr Cys Leu Arg Tyr	Pro His Arg Gly Gly	
11235	11240	11245	
aga acg gct ccc cgg	aca ttt gtg tct ctg	cga gtg gat cat cac	119442
Arg Thr Ala Pro Arg	Thr Phe Val Ser Leu	Arg Val Asp His His	
11250	11255	11260	
aac cgt ttg tgt att	tcg ctt gca caa caa	tgt ttt gct aca aag	119487
Asn Arg Leu Cys Ile	Ser Leu Ala Gln Gln	Cys Phe Ala Thr Lys	
11265	11270	11275	
tgc gat agc aat cgc	atg cat aca atc ttt	act cta gaa gta cct	119532
Cys Asp Ser Asn Arg	Met His Thr Ile Phe	Thr Leu Glu Val Pro	
11280	11285	11290	
aat tat cca aat tta	act tcg agt taa caccaaccgt	gtgatactac	119579
Asn Tyr Pro Asn Leu	Thr Ser Ser		
11295			
atcgtgcttg aattgccatc	ttccacgggt c atg cag	gct tta gga atc	119628
	Met Gln	Ala Leu Gly Ile	
	11300		
aag aca gaa cat ttt	ata att atg tgt cta ctt	agc gga cat gct	119673
Lys Thr Glu His Phe	Ile Ile Met Cys Leu Leu	Ser Gly His Ala	
11305	11310	11315	
gtt ttt acc cta tgg	tat acc gct cgt gta aag	ttt gaa cat gag	119718
Val Phe Thr Leu Trp	Tyr Thr Ala Arg Val Lys	Phe Glu His Glu	
11320	11325	11330	
tgt gtg tat gca acc	acg gtg att aat ggt gga	ccg gtt gta tgg	119763
Cys Val Tyr Ala Thr	Thr Val Ile Asn Gly Gly	Pro Val Val Trp	
11335	11340	11345	
ggg tct tat aac aac	tct ctt ata tat gta acg	ttt gta aac cac	119808



Gly 11350	Ser	Tyr	Asn	Asn	Ser 11355	Leu	Ile	Tyr	Val	Thr 11360	Phe	Val	Asn	His
tca 11365	acg	ttt	ttg	gat	ggc 11370	cta	tct	gga	tac	gat 11375	tac	agc	tgc	cgg 119853
Ser	Thr	Phe	Leu	Asp	Gly	Leu	Ser	Gly	Tyr	Asp	Tyr	Ser	Cys	Arg
gaa 11380	aat	cta	tta	tca	gga 11385	gat	act	atg	gta	aaa 11390	acc	gct	att	tct 119898
Glu	Asn	Leu	Leu	Ser	Gly	Asp	Thr	Met	Val	Lys	Thr	Ala	Ile	Ser
aca 11395	cct	ttg	cat	gac	aaa 11400	att	cga	att	gtt	ctg 11405	gga	aca	cgt	aat 119943
Thr	Pro	Leu	His	Asp	Lys	Ile	Arg	Ile	Val	Leu	Gly	Thr	Arg	Asn
tgt 11410	cac	gct	tat	ttt	tgg 11415	tgc	gtg	cag	cta	aaa 11420	atg	att	ttt	ttt 119988
Cys	His	Ala	Tyr	Phe	Trp	Cys	Val	Gln	Leu	Lys	Met	Ile	Phe	Phe
gca 11425	tgg	ttt	gta	tat	ggt 11430	atg	tat	tta	caa	ttt 11435	cga	cga	ata	cgt 120033
Ala	Trp	Phe	Val	Tyr	Gly	Met	Tyr	Leu	Gln	Phe	Arg	Arg	Ile	Arg
cgt 11440	atg	ttt	ggg	cca	ttc 11445	cga	tca	tcc	tgt	gag 11450	tta	ata	tcc	ccc 120078
Arg	Met	Phe	Gly	Pro	Phe	Arg	Ser	Ser	Cys	Glu	Leu	Ile	Ser	Pro
aca 11455	tca	tat	tca	ctg	aat 11460	tac	gta	aca	cgg	gtt 11465	att	tcg	aac	att 120123
Thr	Ser	Tyr	Ser	Leu	Asn	Tyr	Val	Thr	Arg	Val	Ile	Ser	Asn	Ile
ctt 11470	ctt	ggt	tac	cca	tat 11475	aca	aag	ttg	gca	agg 11480	ttg	tta	tgt	gat 120168
Leu	Leu	Gly	Tyr	Pro	Tyr	Thr	Lys	Leu	Ala	Arg	Leu	Leu	Cys	Asp
gtt 11485	tcc	atg	cga	cgg	gat 11490	ggt	atg	agt	aaa	gta 11495	ttt	aat	gct	gac 120213
Val	Ser	Met	Arg	Arg	Asp	Gly	Met	Ser	Lys	Val	Phe	Asn	Ala	Asp
cct 11500	ata	agt	ttt	tta	tat 11505	atg	cat	aaa	ggt	gtt 11510	acg	tta	ttg	atg 120258
Pro	Ile	Ser	Phe	Leu	Tyr	Met	His	Lys	Gly	Val	Thr	Leu	Leu	Met
ctt 11515	ttg	gag	gtt	atc	gct 11520	cat	ata	tca	tct	gga 11525	tgt	att	gtg	ctt 120303
Leu	Leu	Glu	Val	Ile	Ala	His	Ile	Ser	Ser	Gly	Cys	Ile	Val	Leu
tta 11530	acg	ctt	ggc	gtt	gca 11535	tat	aca	cca	tgc	gcg 11540	tta	tta	tac	ccc 120348
Leu	Thr	Leu	Gly	Val	Ala	Tyr	Thr	Pro	Cys	Ala	Leu	Leu	Tyr	Pro

aca tac att cgg att ctg gcc tgg gtt gtt gta tgc acg ctc gct 120393  
 Thr Tyr Ile Arg Ile Leu Ala Trp Val Val Val Cys Thr Leu Ala  
 11545 11550 11555

ata gta gag ctt ata tct tat gtt aga cca aaa cca acc aag gat 120438  
 Ile Val Glu Leu Ile Ser Tyr Val Arg Pro Lys Pro Thr Lys Asp  
 11560 11565 11570

aat cat tta aat cat atc aat acg ggg gga ata cgt ggt ata tgc 120483  
 Asn His Leu Asn His Ile Asn Thr Gly Gly Ile Arg Gly Ile Cys  
 11575 11580 11585

aca aca tgt tgc gct aca gta atg tcc ggc ctt gct ata aaa tgt 120528  
 Thr Thr Cys Cys Ala Thr Val Met Ser Gly Leu Ala Ile Lys Cys  
 11590 11595 11600

ttt tat atc gtc ata ttt gct ata gca gtg gtt att ttt atg cat 120573  
 Phe Tyr Ile Val Ile Phe Ala Ile Ala Val Val Ile Phe Met His  
 11605 11610 11615

tac gaa caa agg gtg cag gta agc ttg ttt ggg gaa agt gaa aac 120618  
 Tyr Glu Gln Arg Val Gln Val Ser Leu Phe Gly Glu Ser Glu Asn  
 11620 11625 11630

tcc cag aag cat taa tcatgtgact aaacacgccc attgcggggt tgggtgagcc 120673  
 Ser Gln Lys His  
 11635

tataaattct acaacattgg cggaagatac aggcaactgc aaacacgcaa ttgtcagata 120733

ttttgcagcc atg gcc tct gct tca att cca acc gac cca gac gtg 120779  
 Met Ala Ser Ala Ser Ile Pro Thr Asp Pro Asp Val  
 11640 11645 11650

tct act att tgt gaa gac ttt atg aat ttg cta cca gac gaa cct 120824  
 Ser Thr Ile Cys Glu Asp Phe Met Asn Leu Leu Pro Asp Glu Pro  
 11655 11660 11665

tcg gat gac ttt gca ttg gaa gtc acc gat tgg gca aat gat gaa 120869  
 Ser Asp Asp Phe Ala Leu Glu Val Thr Asp Trp Ala Asn Asp Glu  
 11670 11675 11680

gct att ggc tcc act cca ggc gag gac tcc aca acg tct aga act 120914  
 Ala Ile Gly Ser Thr Pro Gly Glu Asp Ser Thr Thr Ser Arg Thr  
 11685 11690 11695

gtg tat gtg gag cgt act gca gat aca gca tat aat cca cgg tat 120959  
 Val Tyr Val Glu Arg Thr Ala Asp Thr Ala Tyr Asn Pro Arg Tyr  
 11700 11705 11710

tac gga cat gaa ctt    tat cgt acc ttt gag    tca tat aaa atg gac    121544

Tyr Gly His Glu Leu	Tyr Arg Thr Phe Glu	Ser Tyr Lys Met Asp	
11895	11900	11905	
tca cgt att gcc cgc	gcg ttg cgt gag aga	gtc ata cgt gga gaa	121589
Ser Arg Ile Ala Arg	Ala Leu Arg Glu Arg	Val Ile Arg Gly Glu	
11910	11915	11920	
tct ttg att gaa gcg	ttg gag tct gcg gat	gaa ctg tta acg tgg	121634
Ser Leu Ile Glu Ala	Leu Glu Ser Ala Asp	Glu Leu Leu Thr Trp	
11925	11930	11935	
att aaa atg tta gcg	gca aaa aac ttg ccc	atc tac aca aat aat	121679
Ile Lys Met Leu Ala	Ala Lys Asn Leu Pro	Ile Tyr Thr Asn Asn	
11940	11945	11950	
ccc att gtt gca acc	tcg aag tca ctt ttg	gag aat tta aag tta	121724
Pro Ile Val Ala Thr	Ser Lys Ser Leu Leu	Glu Asn Leu Lys Leu	
11955	11960	11965	
aag ctg ggg cct ttt	gta aga tgt ctt ctt	cta aac agg gac aac	121769
Lys Leu Gly Pro Phe	Val Arg Cys Leu Leu	Leu Asn Arg Asp Asn	
11970	11975	11980	
gat ttg ggg tct cgt	act ctc ccc gaa ctg	ttg cgc cag caa cgt	121814
Asp Leu Gly Ser Arg	Thr Leu Pro Glu Leu	Leu Arg Gln Gln Arg	
11985	11990	11995	
ttt agt gat atc acg	tgt att act act tat	atg ttt gtt atg att	121859
Phe Ser Asp Ile Thr	Cys Ile Thr Thr Tyr	Met Phe Val Met Ile	
12000	12005	12010	
gcc cgc att gct aat	ata gtt gtc cgt ggc	tct aaa ttt gtg gaa	121904
Ala Arg Ile Ala Asn	Ile Val Val Arg Gly	Ser Lys Phe Val Glu	
12015	12020	12025	
tat gat gat atc agt	tgt aac gtt caa gtg	tta caa gaa tat aca	121949
Tyr Asp Asp Ile Ser	Cys Asn Val Gln Val	Leu Gln Glu Tyr Thr	
12030	12035	12040	
ccc ggg tca tgt ctg	gcc ggt gtt tta gag	gcc cta atc acc cac	121994
Pro Gly Ser Cys Leu	Ala Gly Val Leu Glu	Ala Leu Ile Thr His	
12045	12050	12055	
caa cgc gag tgt ggt	cgt gtt gaa tgt acc	ctc tca act tgg gcc	122039
Gln Arg Glu Cys Gly	Arg Val Glu Cys Thr	Leu Ser Thr Trp Ala	
12060	12065	12070	
ggg cat ctt tct gac	gcc cgt cca tac ggt	aaa tat ttt aag tgt	122084
Gly His Leu Ser Asp	Ala Arg Pro Tyr Gly	Lys Tyr Phe Lys Cys	
12075	12080	12085	





ggt gta cat ctg gcg gct att ggg tat cac tgt cat tgt aaa tcc 122884  
 Gly Val His Leu Ala Ala Ile Gly Tyr His Cys His Cys Lys Ser  
 12225 12230 12235

ccc ttc tcg gcg gag tgt tgg acc ggt gca tcc gag gca tac gat 122929  
 Pro Phe Ser Ala Glu Cys Trp Thr Gly Ala Ser Glu Ala Tyr Asp  
 12240 12245 12250

cat gtt gta tgt ggg gga aaa gcc cga gcg gct gtc ggc gga cta 122974  
 His Val Val Cys Gly Gly Lys Ala Arg Ala Ala Val Gly Gly Leu  
 12255 12260 12265

tga actacacatt taaataaaaa tacgtacaat cgaaaaaagg tgtattttat 123027

ttagtgatta catcaatacg ccctccgtag gttcggcaaa tctaaccggt tgacagaccg 123087

gctgttgacg gggggatcct ttcaatatc cacgaatggt ggaaactggt ggtcttcctt 123147

gggctgttag ggttgggaga gtgggtcggc ctgacgtggt aagtgcggct tcaccagagt 123207

cttctgtcaa gttgcatggt aacgtcgacg ttatacaagg tgtttcagtg gtattttgcg 123267

cgatattctc ccaaaacata agacgttgca tatgcatatc ataaatatta ccccgccata 123327

aacagagatc tctgttactt aaaccgtgtg tgcggagaaa tgtaccata gatggagcca 123387

gtaaagcaa gcccgtagca cattcatacc caagcgttgt ggatcgcttt tccttcatcg 123447

ccaaaataat aaatgtcctt gcacctccag gcgtcattgc acgccctatt agacgggcaa 123507

ggctaagacg ttcgccgggt ttgctatatt tgccaataat tacatagggt ttggtacagg 123567

taatgtgtaa cgcttctccg cctggcaggt ctacagttct ccccgcaagc actcgtaata 123627

aacatcgctt ttctgacgcg ggattttcct cggcgggtggc gtttaaactg ggacgcacca 123687

gagtggagcc cataataaat gcgggaacat gcccatatgc aagtgtctca gaaattacat 123747

gcatttttatg attttacggg ggtgggttac gataatagct attaaacaaa cacccaataa 123807

agcatttttt gtagaacctt tattgggtaa cacagtcttt tcacgtgaca ggcaatgtat 123867

aaataacgta cggatgcact taagatgtat cgcacataaa tttatataag ctgtagcaaa 123927

gtataagcaa atcctgttaa tattatatatt ttgggatccg ca atg tcc agg gta 123981  
 Met Ser Arg Val  
 12270

tcg gag tat ggg gta ccg gaa ggt gtt cgg gaa tct gat agc gat 124026

Ser Glu Tyr Gly Val Pro Glu Gly Val Arg Glu Ser Asp Ser Asp  
 12275 12280 12285  
  
 aca gac tct gtg ttt atg tat cag cat aca gag ctt atg cag aac 124071  
 Thr Asp Ser Val Phe Met Tyr Gln His Thr Glu Leu Met Gln Asn  
 12290 12295 12300  
  
 aac gcg tcg cca ctc gtc gtt caa aca aga cca ccg gcg gtt ctt 124116  
 Asn Ala Ser Pro Leu Val Val Gln Thr Arg Pro Pro Ala Val Leu  
 12305 12310 12315  
  
 att cca ctg gtt gat gtc cca agg cca cga tcc cgg aga aag gcg 124161  
 Ile Pro Leu Val Asp Val Pro Arg Pro Arg Ser Arg Arg Lys Ala  
 12320 12325 12330  
  
 tcc gcg caa ctg aaa atg caa atg gac agg tta tgc aac gta ctg 124206  
 Ser Ala Gln Leu Lys Met Gln Met Asp Arg Leu Cys Asn Val Leu  
 12335 12340 12345  
  
 ggt gta gta ctc cag atg gcg acg ttg gct ttg gtg aca tat ata 124251  
 Gly Val Val Leu Gln Met Ala Thr Leu Ala Leu Val Thr Tyr Ile  
 12350 12355 12360  
  
 gct ttt gtt gtg cat aca cgc gcg aca agc tgc aag cga gaa taa 124296  
 Ala Phe Val Val His Thr Arg Ala Thr Ser Cys Lys Arg Glu  
 12365 12370 12375  
  
 ataccttccc cttccggaca gtagtttcat gtagttgagt tgggaggttc ctcgggaaaa 124356  
 acggcaacaa tggcgaccac gacagcagta aggggtgagaa taccaaaaag aattaataaaa 124416  
 gccggtacac agcatttgcg aattcttaga aaagccagct gaagtctgtg gattccatca 124476  
 taagcgcagt ctaggcaatc gtaagactgt tgggtggtgc cattctccac gtgaggaaaa 124536  
 agaggcgggg agaacaccag actctcgcgg cttctgtaag gggggggcgc gtctgccacg 124596  
 gcctcggcgt atgtgggtag gtaggggatg ggggtcgcaa cgtcatccat gctggggggac 124656  
 gacgtgaggg tgaccggcgg ggtcccaggt cggcgggagt agtgcacggt cgccatccga 124716  
 gcagtaaacg aggggtggac gcaaaaggcg cgggttttgt taaaggctgg cggggggggg 124776  
 tttcccggca aaaaatccca tcccccccga tggtcgcccc gcaaacgcgc ggggaggtgg 124836  
 ggtcgctttt ttttttctct ctcgaggggg ccgcgagagg gctggcct 124884

&lt;210&gt; 52

&lt;211&gt; 278

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 52

Met Phe Cys Thr Ser Pro Ala Thr Arg Gly Asp Ser Ser Glu Ser Lys  
1 5 10 15

Pro Gly Ala Ser Val Asp Val Asn Gly Lys Met Glu Tyr Gly Ser Ala  
20 25 30

Pro Gly Pro Leu Asn Gly Arg Asp Thr Ser Arg Gly Pro Gly Ala Phe  
35 40 45

Cys Thr Pro Gly Trp Glu Ile His Pro Ala Arg Leu Val Glu Asp Ile  
50 55 60

Asn Arg Val Phe Leu Cys Ile Ala Gln Ser Ser Gly Arg Val Thr Arg  
65 70 75 80

Asp Ser Arg Arg Leu Arg Arg Ile Cys Leu Asp Phe Tyr Leu Met Gly  
85 90 95

Arg Thr Arg Gln Arg Pro Thr Leu Ala Cys Trp Glu Glu Leu Leu Gln  
100 105 110

Leu Gln Pro Thr Gln Thr Gln Cys Leu Arg Ala Thr Leu Met Glu Val  
115 120 125

Ser His Arg Pro Pro Arg Gly Glu Asp Gly Phe Ile Glu Ala Pro Asn  
130 135 140

Val Pro Leu His Arg Ser Ala Leu Glu Cys Asp Val Ser Asp Asp Gly  
145 150 155 160

Gly Glu Asp Asp Ser Asp Asp Asp Gly Ser Thr Pro Ser Asp Val Ile  
165 170 175

Glu Phe Arg Asp Ser Asp Ala Glu Ser Ser Asp Gly Glu Asp Phe Ile

180

185

190

Val Glu Glu Glu Ser Glu Glu Ser Thr Asp Ser Cys Glu Pro Asp Gly  
 195 200 205

Val Pro Gly Asp Cys Tyr Arg Asp Gly Asp Gly Cys Asn Thr Pro Ser  
 210 215 220

Pro Lys Arg Pro Gln Arg Ala Ile Glu Arg Tyr Ala Gly Ala Glu Thr  
 225 230 235 240

Ala Glu Tyr Thr Ala Ala Lys Ala Leu Thr Ala Leu Gly Glu Gly Gly  
 245 250 255

Val Asp Trp Lys Arg Arg Arg His Glu Ala Pro Arg Arg His Asp Ile  
 260 265 270

Pro Pro Pro His Gly Val  
 275

<210> 53  
 <211> 180  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 53

Met Asn Leu Cys Gly Ser Arg Gly Glu His Pro Gly Gly Glu Tyr Ala  
 1 5 10 15

Gly Leu Tyr Cys Thr Arg His Asp Thr Pro Ala His Gln Ala Leu Met  
 20 25 30

Asn Asp Ala Glu Arg Tyr Phe Ala Ala Ala Leu Cys Ala Ile Ser Thr  
 35 40 45

Glu Ala Tyr Glu Ala Phe Ile His Ser Pro Ser Glu Arg Pro Cys Ala  
 50 55 60

Ser Leu Trp Gly Arg Ala Lys Asp Ala Phe Gly Arg Met Cys Gly Glu  
65 70 75 80

Leu Ala Ala Asp Arg Gln Arg Pro Pro Ser Val Pro Pro Ile Arg Arg  
85 90 95

Ala Val Leu Ser Leu Leu Arg Glu Gln Cys Met Pro Asp Pro Gln Ser  
100 105 110

His Leu Glu Leu Ser Glu Arg Leu Ile Leu Met Ala Tyr Trp Cys Cys  
115 120 125

Leu Gly His Ala Gly Leu Pro Thr Ile Gly Leu Ser Pro Asp Asn Lys  
130 135 140

Cys Ile Arg Ala Glu Leu Tyr Asp Arg Pro Gly Gly Ile Cys His Arg  
145 150 155 160

Leu Phe Asp Ala Tyr Leu Gly Cys Gly Ser Leu Gly Val Pro Arg Thr  
165 170 175

Tyr Glu Arg Ser  
180

<210> 54  
<211> 102  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 54

Met Ala Gly Gln Asn Thr Met Glu Gly Glu Ala Val Ala Leu Leu Met  
1 5 10 15

Glu Ala Val Val Thr Pro Arg Ala Gln Pro Asn Asn Thr Thr Ile Thr  
20 25 30

Ala Ile Gln Pro Ser Arg Ser Ala Glu Lys Cys Tyr Tyr Ser Asp Ser  
35 40 45



Glu Asn Glu Thr Ala Asp Glu Phe Leu Arg Arg Ile Gly Lys Tyr Gln  
 50 55 60

His Lys Ile Tyr His Arg Lys Lys Phe Cys Tyr Ile Thr Leu Ile Ile  
 65 70 75 80

Val Phe Val Phe Ala Met Thr Gly Ala Ala Phe Ala Leu Gly Tyr Ile  
 85 90 95

Thr Ser Gln Phe Val Gly  
 100

<210> 55

<211> 1310

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 55

Met Asp Thr Pro Pro Met Gln Arg Ser Thr Pro Gln Arg Ala Gly Ser  
 1 5 10 15

Pro Asp Thr Leu Glu Leu Met Asp Leu Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala  
 20 25 30

Ala Glu His Arg Ala Arg Val Val Thr Ser Ser Gln Pro Asp Asp Leu  
 35 40 45

Leu Phe Gly Glu Asn Gly Val Met Val Gly Arg Glu His Glu Ile Val  
 50 55 60

Ser Ile Pro Ser Val Ser Gly Leu Gln Pro Glu Pro Arg Thr Glu Asp  
 65 70 75 80

Val Gly Glu Glu Leu Thr Gln Asp Asp Tyr Val Cys Glu Asp Gly Gln  
 85 90 95

Asp Leu Met Gly Ser Pro Val Ile Pro Leu Ala Glu Val Phe His Thr  
 100 105 110

Arg Phe Ser Glu Ala Gly Ala Arg Glu Pro Thr Gly Ala Asp Arg Ser  
115 120 125

Leu Glu Thr Val Ser Leu Gly Thr Lys Leu Ala Arg Ser Pro Lys Pro  
130 135 140

Pro Met Asn Asp Gly Glu Thr Gly Arg Gly Thr Thr Pro Pro Phe Pro  
145 150 155 160

Gln Ala Phe Ser Pro Val Ser Pro Ala Ser Pro Val Gly Asp Ala Ala  
165 170 175

Gly Asn Asp Gln Arg Glu Asp Gln Arg Ser Ile Pro Arg Gln Thr Thr  
180 185 190

Arg Gly Asn Ser Pro Gly Leu Pro Ser Val Val His Arg Asp Arg Gln  
195 200 205

Thr Gln Ser Ile Ser Gly Lys Lys Pro Gly Asp Glu Gln Ala Gly His  
210 215 220

Ala His Ala Ser Gly Asp Gly Val Val Leu Gln Lys Thr Gln Arg Pro  
225 230 235 240

Ala Gln Gly Lys Ser Pro Lys Lys Lys Thr Leu Lys Val Lys Val Pro  
245 250 255

Leu Pro Ala Arg Lys Pro Gly Gly Pro Val Pro Gly Pro Val Glu Gln  
260 265 270

Leu Tyr His Val Leu Ser Asp Ser Val Pro Ala Lys Gly Ala Lys Ala  
275 280 285

Asp Leu Pro Phe Glu Thr Asp Asp Thr Arg Pro Arg Lys His Asp Ala  
290 295 300

Arg Gly Ile Thr Pro Arg Val Pro Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Pro  
305 310 315 320

Arg Ala Phe Leu Ala Leu Pro Gly Arg Ser His Ala Pro Asp Pro Ile  
325 330 335

Glu Asp Asp Ser Pro Val Glu Lys Lys Pro Lys Ser Arg Glu Phe Val  
340 345 350

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Trp Gly Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
355 360 365

Asp Asp Glu Pro Arg Arg Val Ser Val Gly Ser Glu Thr Thr Gly Ser  
370 375 380

Arg Ser Gly Arg Glu His Ala Pro Ser Pro Ser Asn Ser Asp Asp Ser  
385 390 395 400

Asp Ser Asn Asp Gly Gly Ser Thr Lys Gln Asn Ile Gln Pro Gly Tyr  
405 410 415

Arg Ser Ile Ser Gly Pro Asp Pro Arg Ile Arg Lys Thr Lys Arg Leu  
420 425 430

Ala Gly Glu Pro Gly Arg Gln Arg Gln Lys Ser Phe Ser Leu Pro Arg  
435 440 445

Ser Arg Thr Pro Ile Ile Pro Pro Val Ser Gly Pro Leu Met Met Pro  
450 455 460

Asp Gly Ser Pro Trp Pro Gly Ser Ala Pro Leu Pro Ser Asn Arg Val  
465 470 475 480

Arg Phe Gly Pro Ser Gly Glu Thr Arg Glu Gly His Trp Glu Asp Glu  
485 490 495

Ala Val Arg Ala Ala Arg Ala Arg Tyr Glu Ala Ser Thr Glu Pro Val  
500 505 510

Pro Leu Tyr Val Pro Glu Leu Gly Asp Pro Ala Arg Gln Tyr Arg Ala  
515 520 525

Leu Ile Asn Leu Ile Tyr Cys Pro Asp Arg Asp Pro Ile Ala Trp Leu  
530 535 540

Gln Asn Pro Lys Leu Thr Gly Val Asn Ser Ala Leu Asn Gln Phe Tyr  
545 550 555 560

Gln Lys Leu Leu Pro Pro Gly Arg Ala Gly Thr Ala Val Thr Gly Ser  
565 570 575

Val Ala Ser Pro Val Pro His Val Gly Glu Ala Met Ala Thr Gly Glu  
580 585 590

Ala Leu Trp Ala Leu Pro His Ala Ala Ala Ala Val Ala Met Ser Arg  
595 600 605

Arg Tyr Asp Arg Ala Gln Lys His Phe Ile Leu Gln Ser Leu Arg Arg  
610 615 620

Ala Phe Ala Ser Met Ala Tyr Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Pro Ala  
625 630 635 640

Ala Arg Ile Ser Arg Gly His Pro Ser Pro Thr Thr Pro Ala Thr Gln  
645 650 655

Ala Pro Asp Pro Gln Pro Ser Ala Ala Ala Arg Ser Leu Ser Val Cys  
660 665 670

Pro Pro Asp Asp Arg Leu Arg Thr Pro Arg Lys Arg Lys Ser Gln Pro  
675 680 685

Val Glu Ser Arg Ser Leu Leu Asp Lys Ile Arg Glu Thr Pro Val Ala  
690 695 700

Asp Ala Arg Val Ala Asp Asp His Val Val Ser Lys Ala Lys Arg Arg  
705 710 715 720

Val Ser Glu Pro Val Thr Ile Thr Ser Gly Pro Val Val Asp Pro Pro  
725 730 735

Ala Val Ile Thr Met Pro Leu Asp Gly Pro Ala Pro Asn Gly Gly Phe  
740 745 750

Arg Arg Ile Pro Arg Gly Ala Leu His Thr Pro Val Pro Ser Asp Gln  
755 760 765

Ala Arg Lys Ala Tyr Cys Thr Pro Glu Thr Ile Ala Arg Leu Val Asp  
770 775 780

Asp Pro Leu Phe Pro Thr Ala Trp Arg Pro Ala Leu Ser Phe Asp Pro  
785 790 795 800

Gly Ala Leu Ala Glu Ile Ala Ala Arg Arg Pro Gly Gly Gly Asp Arg  
805 810 815

Arg Phe Gly Pro Pro Ser Gly Val Glu Ala Leu Arg Arg Arg Cys Ala  
820 825 830

Trp Met Arg Gln Ile Pro Asp Pro Glu Asp Val Arg Leu Leu Ile Ile  
835 840 845

Tyr Asp Pro Leu Pro Gly Glu Asp Ile Asn Gly Pro Leu Glu Ser Thr  
850 855 860

Leu Ala Thr Asp Pro Gly Pro Ser Trp Ser Pro Ser Arg Gly Gly Leu  
865 870 875 880

Ser Val Val Leu Ala Ala Leu Ser Asn Arg Leu Cys Leu Pro Ser Thr  
885 890 895

His Ala Trp Ala Gly Asn Trp Thr Gly Pro Pro Asp Val Ser Ala Leu  
900 905 910



Asn Ala Arg Gly Val Leu Leu Leu Ser Thr Arg Asp Leu Ala Phe Ala  
915 920 925

Gly Ala Val Glu Tyr Leu Gly Ser Arg Leu Ala Ser Ala Arg Arg Arg  
930 935 940

Leu Leu Val Leu Asp Ala Val Ala Leu Glu Arg Trp Pro Arg Asp Gly  
945 950 955 960

Pro Ala Leu Ser Gln Tyr His Val Tyr Val Arg Ala Pro Ala Arg Pro  
965 970 975

Asp Ala Gln Ala Val Val Arg Trp Pro Asp Ser Ala Val Thr Glu Gly  
980 985 990

Leu Ala Arg Ala Val Phe Ala Ser Ser Arg Thr Phe Gly Pro Ala Ser  
995 1000 1005

Phe Ala Arg Ile Glu Thr Ala Phe Ala Asn Leu Tyr Pro Gly Glu  
1010 1015 1020

Gln Pro Leu Cys Leu Cys Arg Gly Gly Asn Val Ala Tyr Thr Val  
1025 1030 1035

Cys Thr Arg Ala Gly Pro Lys Thr Arg Val Pro Leu Ser Pro Arg  
1040 1045 1050

Glu Tyr Arg Gln Tyr Val Leu Pro Gly Phe Asp Gly Cys Lys Asp  
1055 1060 1065

Leu Ala Arg Gln Ser Arg Gly Leu Gly Leu Gly Ala Ala Asp Phe  
1070 1075 1080

Val Asp Glu Ala Ala His Ser His Arg Ala Ala Asn Arg Trp Gly  
1085 1090 1095

Leu Gly Ala Ala Leu Arg Pro Val Phe Leu Pro Glu Gly Arg Arg  
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ala Gly Pro Glu Ala Gly Asp Val Pro Thr Trp Ala  
1115 1120 1125

Arg Val Phe Cys Arg His Ala Leu Leu Glu Pro Asp Pro Ala Ala  
1130 1135 1140

Glu Pro Leu Val Leu Pro Pro Val Ala Gly Arg Ser Val Ala Leu  
1145 1150 1155

Tyr Ala Ser Ala Asp Glu Ala Arg Asn Ala Leu Pro Pro Ile Pro  
1160 1165 1170

Arg Val Met Trp Pro Pro Gly Phe Gly Ala Ala Glu Thr Val Leu  
1175 1180 1185

Glu Gly Ser Asp Gly Thr Arg Phe Val Phe Gly His His Gly Gly  
1190 1195 1200

Ser Glu Arg Pro Ser Glu Thr Gln Ala Gly Arg Gln Arg Arg Thr  
1205 1210 1215

Ala Asp Asp Arg Glu His Ala Leu Glu Leu Asp Asp Trp Glu Val  
1220 1225 1230

Gly Cys Glu Asp Ala Trp Asp Ser Glu Glu Gly Gly Gly Asp Asp  
1235 1240 1245

Gly Asp Ala Pro Gly Ser Ser Phe Gly Val Ser Ile Val Ser Val  
1250 1255 1260

Ala Pro Gly Val Leu Arg Asp Arg Arg Val Gly Leu Arg Pro Ala  
1265 1270 1275

Val Lys Val Glu Leu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Glu Asp Glu  
1280 1285 1290

Asp Asp Val Trp Gly Gly Arg Gly Gly Arg Ser Pro Pro Gln Ser  
1295 1300 1305

Arg Gly  
1310

<210> 56  
<211> 467  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 56

Met Asp Thr Ile Leu Ala Gly Gly Ser Gly Thr Ser Asp Ala Ser Asp  
1 5 10 15

Asn Thr Cys Thr Ile Cys Met Ser Thr Val Ser Asp Leu Gly Lys Thr  
20 25 30

Met Pro Cys Leu His Asp Phe Cys Phe Val Cys Ile Arg Ala Trp Thr  
35 40 45

Ser Thr Ser Val Gln Cys Pro Leu Cys Arg Cys Pro Val Gln Ser Ile  
50 55 60

Leu His Lys Ile Val Ser Asp Thr Ser Tyr Lys Glu Tyr Glu Val His  
65 70 75 80

Pro Ser Asp Asp Asp Gly Phe Ser Glu Pro Ser Phe Glu Asp Ser Ile  
85 90 95

Asp Ile Leu Pro Gly Asp Val Ile Asp Leu Leu Pro Pro Ser Pro Gly  
100 105 110

Pro Ser Arg Glu Ser Ile Gln Gln Pro Thr Ser Arg Ser Ser Arg Glu  
115 120 125

Pro Ile Gln Ser Pro Asn Pro Gly Pro Leu Gln Ser Ser Ala Arg Glu

130

135

140

Pro Thr Ala Glu Ser Pro Ser Asp Ser Gln Gln Asp Ser Ile Gln Pro  
145 150 155 160

Pro Thr Arg Asp Ser Ser Pro Gly Val Thr Lys Thr Cys Ser Thr Ala  
165 170 175

Ser Phe Leu Arg Lys Val Phe Phe Lys Asp Gln Pro Ala Val Arg Ser  
180 185 190

Ala Thr Pro Val Val Tyr Gly Ser Ile Glu Ser Ala Gln Gln Pro Arg  
195 200 205

Thr Gly Gly Gln Asp Tyr Arg Asp Arg Pro Val Ser Val Gly Ile Asn  
210 215 220

Gln Asp Pro Arg Thr Met Asp Arg Leu Pro Phe Arg Ala Thr Asp Arg  
225 230 235 240

Gly Thr Glu Gly Asn Ala Arg Phe Pro Cys Tyr Met Gln Pro Leu Leu  
245 250 255

Gly Trp Leu Asp Asp Gln Leu Ala Glu Leu Tyr Gln Pro Glu Ile Val  
260 265 270

Glu Pro Thr Lys Met Leu Ile Leu Asn Tyr Ile Gly Ile Tyr Gly Arg  
275 280 285

Asp Glu Ala Gly Leu Lys Thr Ser Leu Arg Cys Leu Leu His Asp Ser  
290 295 300

Thr Gly Pro Phe Val Thr Asn Met Leu Phe Leu Leu Asp Arg Cys Thr  
305 310 315 320

Asp Pro Thr Arg Leu Thr Met Gln Thr Trp Thr Trp Lys Asp Thr Ala  
325 330 335

Ile Gln Leu Ile Thr Gly Pro Ile Val Arg Pro Glu Thr Thr Ser Thr  
 340 345 350

Gly Glu Thr Ser Arg Gly Asp Glu Arg Asp Thr Arg Leu Val Asn Thr  
 355 360 365

Pro Gln Lys Val Arg Leu Phe Ser Val Leu Pro Gly Ile Lys Pro Gly  
 370 375 380

Ser Ala Arg Gly Ala Lys Arg Arg Leu Phe His Thr Gly Arg Asp Val  
 385 390 395 400

Lys Arg Cys Leu Thr Ile Asp Leu Thr Ser Glu Ser Asp Ser Ala Cys  
 405 410 415

Lys Gly Ser Lys Thr Arg Lys Val Ala Ser Pro Gln Gly Glu Ser Asn  
 420 425 430

Thr Pro Ser Thr Ser Gly Ser Thr Ser Gly Ser Leu Lys His Leu Thr  
 435 440 445

Lys Lys Ser Ser Ala Gly Lys Ala Gly Lys Gly Ile Pro Asn Lys Met  
 450 455 460

Lys Lys Ser  
 465

<210> 57  
 <211> 305  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 57

Met Asp Val Ser Gly Glu Pro Thr Val Cys Ser Asn Ala Tyr Ala Asn  
 1 5 10 15

Glu Met Lys Leu Ser Asp Ser Lys Asp Ile Tyr Val Leu Ala His Pro  
 20 25 30



Val Thr Lys Lys Thr Arg Lys Arg Pro Arg Gly Leu Pro Leu Gly Val  
35 40 45

Lys Leu Asp Pro Pro Thr Phe Lys Leu Asn Asn Met Ser His His Tyr  
50 55 60

Asp Thr Glu Thr Phe Thr Pro Val Ser Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu  
65 70 75 80

Val Phe Ser Lys Phe Asn Ile Ser Pro Glu Trp Tyr Asp Leu Leu Ser  
85 90 95

Asp Glu Leu Lys Glu Pro Tyr Ala Lys Gly Ile Phe Leu Glu Tyr Asn  
100 105 110

Arg Leu Leu Asn Ser Gly Glu Glu Ile Leu Pro Ser Thr Gly Asp Ile  
115 120 125

Phe Ala Trp Thr Arg Phe Cys Gly Pro Gln Ser Ile Arg Val Val Ile  
130 135 140

Ile Gly Gln Asp Pro Tyr Pro Thr Ala Gly His Ala His Gly Leu Ala  
145 150 155 160

Phe Ser Val Lys Arg Gly Ile Thr Pro Pro Ser Ser Leu Lys Asn Ile  
165 170 175

Phe Ala Ala Leu Met Glu Ser Tyr Pro Asn Met Thr Pro Pro Thr His  
180 185 190

Gly Cys Leu Glu Ser Trp Ala Arg Gln Gly Val Leu Leu Leu Asn Thr  
195 200 205

Thr Leu Thr Val Arg Arg Gly Thr Pro Gly Ser His Val Tyr Leu Gly  
210 215 220

Trp Gly Arg Leu Val Gln Arg Val Leu Gln Arg Leu Cys Glu Asn Arg  
 225 230 235 240

Thr Gly Leu Val Phe Met Leu Trp Gly Ala His Ala Gln Lys Thr Thr  
 245 250 255

Gln Pro Asn Ser Arg Cys His Leu Val Leu Thr His Ala His Pro Ser  
 260 265 270

Pro Leu Ser Arg Val Pro Phe Arg Asn Cys Arg His Phe Val Gln Ala  
 275 280 285

Asn Glu Tyr Phe Thr Arg Lys Gly Glu Pro Glu Ile Asp Trp Ser Val  
 290 295 300

Ile  
 305

<210> 58  
 <211> 71  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 58

Met Asp Val Arg Glu Arg Asn Val Phe Gly Asn Ala Ser Val Ala Thr  
 1 5 10 15

Pro Gly Glu His Gln Lys Phe Val Arg Glu Leu Ile Leu Ser Gly His  
 20 25 30

Asn Asn Val Val Leu Gln Thr Tyr Thr Gly Lys Trp Ser Asp Cys Arg  
 35 40 45

Lys His Gly Lys Ser Val Met Tyr Asn Thr Gly Glu Ala Arg His Pro  
 50 55 60

Thr Cys Lys Ala His Gln Arg  
 65 70

<210> 59  
<211> 331  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 59

Met Gln Arg Ile Arg Pro Tyr Trp Ile Lys Phe Glu Gln Thr Gly Gly  
1 5 10 15

Ala Gly Met Ala Asp Gly Met Ser Gly Ile Asn Ile Pro Ser Ile Leu  
20 25 30

Gly Cys Ser Val Thr Ile Asp Asn Leu Leu Thr Arg Ala Glu Glu Gly  
35 40 45

Leu Asp Val Ser Asp Val Ile Glu Asp Leu Arg Ile Gln Ala Ile Pro  
50 55 60

Arg Phe Val Cys Glu Ala Arg Glu Val Thr Gly Leu Lys Pro Arg Phe  
65 70 75 80

Leu Ala Asn Ser Val Val Ser Leu Arg Val Lys Pro Glu His Gln Glu  
85 90 95

Thr Val Leu Val Val Leu Asn Gly Asp Ser Ser Glu Val Ser Cys Asp  
100 105 110

Arg Tyr Tyr Met Glu Cys Val Thr Gln Pro Ala Phe Arg Gly Phe Ile  
115 120 125

Phe Ser Val Leu Thr Ala Val Glu Asp Arg Val Tyr Thr Val Gly Val  
130 135 140

Pro Pro Arg Leu Leu Ile Tyr Arg Met Thr Leu Phe Arg Pro Asp Asn  
145 150 155 160

Val Leu Asp Phe Thr Leu Cys Val Ile Leu Met Tyr Leu Glu Gly Ile  
165 170 175

Gly Pro Ser Gly Ala Ser Pro Ser Leu Phe Val Gln Leu Ser Val Tyr  
180 185 190

Leu Arg Arg Val Glu Cys Gln Ile Gly Pro Leu Glu Lys Met Arg Arg  
195 200 205

Phe Leu Tyr Glu Gly Val Leu Trp Leu Leu Asn Thr Leu Met Tyr Val  
210 215 220

Val Asp Asn Asn Pro Phe Thr Lys Thr Arg Val Leu Pro His Tyr Met  
225 230 235 240

Phe Val Lys Leu Leu Asn Pro Gln Pro Gly Thr Ala Pro Asn Ile Ile  
245 250 255

Lys Ala Ile Tyr Ser Cys Gly Val Gly Gln Arg Phe Asp Leu Pro His  
260 265 270

Gly Thr Pro Pro Cys Pro Asp Gly Val Val Gln Val Pro Pro Gly Leu  
275 280 285

Leu Asn Gly Pro Leu Arg Asp Ser Glu Tyr Gln Lys Ser Val Tyr Phe  
290 295 300

Trp Trp Leu Asn Arg Thr Met Val Thr Pro Lys Asn Val Gln Leu Phe  
305 310 315 320

Glu Thr Tyr Lys Asn Ser Pro Arg Val Val Lys  
325 330

<210> 60

<211> 541

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 60

Met Glu Phe Pro Tyr His Ser Thr Val Ser Tyr Asn Gly Val Thr Phe

1 5 10 15

Tyr Phe Asn Glu Arg Ala Thr Arg Ala Tyr Phe Ile Cys Gly Gly Cys  
20 25 30

Leu Ile Ser Ile Pro Arg Lys His Gly Gly Glu Ile Ala Lys Phe Gly  
35 40 45

His Val Val Arg Gly Val Gly Pro Gly Asp Arg Ser Val Ala Ser Tyr  
50 55 60

Val Arg Ser Glu Leu Asn Arg Thr Gly Lys Thr Trp Ala Val Ser Ser  
65 70 75 80

Asn Asn Asn Cys Val Phe Leu Asp Arg Val Ala Leu Leu Ala Ala Gly  
85 90 95

Ser Gly Ala Val Asp Arg Asp Leu Cys Gly Thr Phe Asp Val Glu Val  
100 105 110

Glu Asp Pro Thr Leu Ala Asp Tyr Leu Val Ser Leu Pro Val Thr His  
115 120 125

Leu Thr Leu Val Ala Gly Val Asp Val Thr Arg Glu Asn Lys Leu Lys  
130 135 140

Leu Phe Pro Thr Pro Thr Ala Ile Asn Thr Thr Asn Gly Phe Met Tyr  
145 150 155 160

Val Pro Asn Glu Ala Ser Phe Ser Leu Val Tyr Met Arg Met Leu Glu  
165 170 175

Leu Pro Glu Ser Leu Gln Glu Leu Val Ser Gly Leu Phe Asp Gly Thr  
180 185 190

Pro Glu Ile Arg Asp Ala Leu Asn Gly Ser Asn Asp Asp Glu Lys Thr  
195 200 205



Ser Ile Ile Val Ser Arg Arg Ala Ala Asp Val Val Thr Glu Asp Val  
210 215 220

Lys Ala Asp Asp Val Pro Ile Ser Gly Glu Pro Tyr Ser Glu Lys Gln  
225 230 235 240

Pro Arg Arg Arg Lys Lys Ser Asp His Ile Thr Leu Ser Asn Phe Val  
245 250 255

Gln Ile Arg Thr Ile Pro Arg Val Met Asp Ile Trp Asp Pro Arg His  
260 265 270

Lys Ala Thr Thr His Cys Ile Arg Ala Leu Ser Cys Ala Val Phe Phe  
275 280 285

Ala Asp Glu Val Ile Phe Lys Ala Arg Lys Trp Pro Gly Leu Glu Asp  
290 295 300

Glu Leu Asn Glu Ala Arg Glu Thr Ile Tyr Thr Ala Val Val Ala Val  
305 310 315 320

Tyr Gly Glu Arg Gly Glu Leu Pro Phe Phe Gly His Ala Tyr Gly Arg  
325 330 335

Asp Leu Thr Ser Cys Gln Arg Phe Val Ile Val Gln Tyr Ile Leu Ser  
340 345 350

Arg Trp Glu Ala Phe Asn Cys Tyr Ala Val Ile Glu Asp Leu Thr Arg  
355 360 365

Ser Tyr Val Asn Ala Leu Pro Ser Asp Asp Asp Thr Asp Gln Val Ala  
370 375 380

Gln Asp Leu Ile Arg Thr Ile Val Asp Thr Ala Asn Ser Leu Leu Arg  
385 390 395 400

Glu Val Gly Phe Ile Gly Thr Leu Ala Glu Thr Leu Leu Phe Leu Pro

405

410

415

Leu Pro Gln Leu Pro Cys Tyr Lys Glu Thr Ser His Leu Ala Lys Lys  
420 425 430

Glu Gly Val Arg Ile Leu Arg Leu Ala Lys Thr Gly Val Gly Leu Ser  
435 440 445

Asp Thr Val Pro Val Asp Val Ser Val Thr Glu Arg His Glu Tyr Glu  
450 455 460

Ile Ser Arg Tyr Leu Asp Thr Leu Tyr Ser Gly Asp Pro Cys Tyr Asn  
465 470 475 480

Gly Ala Val Arg Leu Cys Arg Leu Leu Gly Ser Ser Ile Pro Ile Ala  
485 490 495

Leu Tyr Tyr Asn Thr Ile Ser Gly Asn Ala Phe Glu Pro Tyr Phe Ala  
500 505 510

Gly Arg Arg Tyr Ile Ala Tyr Leu Gly Ala Leu Phe Phe Gly Arg Val  
515 520 525

His Gln Thr Pro Phe Gly Asp Gly Lys Lys Thr Gln Arg  
530 535 540

<210> 61  
<211> 258  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 61

Met Ser Ala Ser Arg Ile Arg Ala Lys Cys Phe Arg Leu Gly Gln Arg  
1 5 10 15

Cys His Thr Arg Phe Tyr Asp Val Leu Lys Lys Asp Ile Asp Asn Val  
20 25 30

Arg Arg Gly Phe Ala Asp Ala Phe Asn Pro Arg Leu Ala Lys Leu Leu  
35 40 45

Ser Pro Leu Ser His Val Asp Val Gln Arg Ala Val Arg Ile Ser Met  
50 55 60

Ser Phe Glu Val Asn Leu Gly Arg Arg Arg Pro Asp Cys Val Cys Ile  
65 70 75 80

Ile Gln Thr Glu Ser Ser Gly Ala Gly Lys Thr Val Cys Phe Ile Val  
85 90 95

Glu Leu Lys Ser Cys Arg Phe Ser Ala Asn Ile His Thr Pro Thr Lys  
100 105 110

Tyr His Gln Phe Cys Glu Gly Met Arg Gln Leu Arg Asp Thr Met Ala  
115 120 125

Leu Ile Lys Glu Thr Thr Pro Thr Gly Ser Asp Glu Ile Met Val Thr  
130 135 140

Pro Leu Leu Val Phe Val Ser Gln Arg Gly Leu Asn Leu Leu Gln Val  
145 150 155 160

Thr Arg Leu Pro Pro Lys Val Ile His Gly Asn Leu Val Met Leu Ala  
165 170 175

Ser His Leu Glu Asn Val Ala Glu Tyr Thr Pro Pro Ile Arg Ser Val  
180 185 190

Arg Glu Arg Arg Arg Leu Cys Lys Lys Lys Ile His Val Cys Ser Leu  
195 200 205

Ala Lys Lys Arg Ala Lys Ser Cys His Arg Ser Ala Leu Thr Lys Phe  
210 215 220

Glu Glu Asn Ala Ala Cys Gly Val Asp Leu Pro Leu Arg Arg Pro Ser  
225 230 235 240

Leu Gly Ala Cys Gly Gly Ile Leu Gln Ser Ile Thr Gly Met Phe Ser  
245 250 255

His Gly

<210> 62  
<211> 579  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 62

Met Thr Ala Arg Tyr Gly Phe Gly Ser Ile Ser Phe Pro Asn Lys Cys  
1 5 10 15

Gly Ile Phe Leu Ser Thr Thr Lys Asn Phe Ile Ala Pro Asn Phe Pro  
20 25 30

Ile His Tyr Trp Thr Ala Pro Ala Phe Glu Leu Arg Gly Arg Met Asn  
35 40 45

Pro Asp Leu Glu Lys Asn Thr Leu Thr Leu Lys Asn Ala Ala Ala Val  
50 55 60

Ala Ala Leu Asp Asn Leu Arg Gly Glu Thr Ile Thr Leu Pro Thr Glu  
65 70 75 80

Ile Asp Arg Arg Leu Lys Pro Leu Glu Glu Gln Leu Thr Arg Met Ala  
85 90 95

Lys Val Leu Asp Ser Leu Glu Thr Ala Ala Ala Glu Ala Glu Glu Ala  
100 105 110

Asp Ala Gln Ser Glu Glu Cys Thr Arg Thr Glu Ile Ile Arg Asn Glu  
115 120 125

Ser Ile His Pro Glu Val Gln Ile Ala Lys Asn Asp Ala Pro Leu Gln

130	135	140
Tyr Asp Thr Asn Phe Gln Val Asp Phe Ile Thr Leu Val Tyr Leu Gly 145	150	155 160
Arg Ala Arg Gly Asn Asn Ser Pro Gly Ile Val Phe Gly Pro Trp Tyr 165	170	175
Arg Thr Leu Gln Glu Arg Leu Val Leu Asp Arg Pro Val Ala Ala Arg 180	185	190
Gly Val Asp Cys Lys Asp Gly Arg Ile Ser Arg Thr Phe Met Asn Thr 195	200	205
Thr Val Thr Cys Leu Gln Ser Ala Gly Arg Met Tyr Val Gly Asp Arg 210	215	220
Ala Tyr Ser Ala Phe Glu Cys Ala Val Leu Cys Leu Tyr Leu Met Tyr 225	230	235 240
Arg Thr Ser Asn Ser Val His Glu Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Asn 245	250	255
Leu Ile Glu His Leu Pro Glu Tyr Thr Glu Thr Phe Val Asn Tyr Met 260	265	270
Thr Thr His Glu Asn Lys Asn Ser Tyr Gln Phe Cys Tyr Asp Arg Leu 275	280	285
Pro Arg Asp Gln Phe His Ala Arg Gly Gly Arg Tyr Asp Gln Gly Ala 290	295	300
Leu Thr Ser His Ser Val Met Asp Ala Leu Ile Arg Leu Gln Val Leu 305	310	315 320
Pro Pro Ala Pro Gly Gln Phe Asn Pro Gly Val Asn Asp Ile Ile Asp 325	330	335



Arg Asn His Thr Ala Tyr Val Asp Lys Ile Gln Gln Ala Ala Ala Ala  
340 345 350

Tyr Leu Glu Arg Ala Gln Asn Val Phe Leu Met Glu Asp Gln Thr Leu  
355 360 365

Leu Arg Leu Thr Ile Asp Thr Ile Thr Ala Leu Leu Leu Leu Arg Arg  
370 375 380

Leu Leu Trp Asn Gly Asn Val Tyr Gly Asp Lys Leu Lys Asn Asn Phe  
385 390 395 400

Gln Leu Gly Leu Ile Val Ser Glu Ala Thr Gly Thr Pro Thr Asn Asn  
405 410 415

Val Ile Leu Arg Gly Ala Thr Gly Phe Asp Gly Lys Phe Lys Ser Gly  
420 425 430

Asn Asn Asn Phe Gln Phe Leu Cys Glu Arg Tyr Ile Ala Pro Leu Tyr  
435 440 445

Thr Leu Asn Arg Thr Thr Glu Leu Thr Glu Met Phe Pro Gly Leu Val  
450 455 460

Ala Leu Cys Leu Asp Ala His Thr Gln Leu Ser Arg Gly Ser Leu Gly  
465 470 475 480

Arg Thr Val Ile Asp Ile Ser Ser Gly Gln Tyr Gln Asp Arg Leu Ile  
485 490 495

Ser Leu Ile Ala Leu Glu Leu Glu His Arg Arg Gln Asn Val Thr Ser  
500 505 510

Leu Pro Ile Ala Ala Val Val Ser Ile His Asp Ser Val Met Leu Gln  
515 520 525

Tyr Glu Arg Gly Leu Gly Met Leu Met His Gln Pro Arg Val Arg Ala

530

535

540

Ala Leu Glu Glu Ser Arg Arg Leu Ala Gln Phe Asn Val Asn Ser Asp  
545 550 555 560

Tyr Asp Leu Leu Tyr Phe Val Cys Leu Gly Val Ile Pro Gln Phe Ala  
565 570 575

Ser Thr Pro

<210> 63  
<211> 605  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 63

Met Ala Ala Glu Ala Asp Glu Glu Asn Cys Glu Ala Leu Tyr Val Ala  
1 5 10 15

Gly Tyr Leu Ala Leu Tyr Ser Lys Asp Glu Gly Glu Leu Asn Ile Thr  
20 25 30

Pro Glu Ile Val Arg Ser Ala Leu Pro Pro Thr Ser Lys Ile Pro Ile  
35 40 45

Asn Ile Asp His Arg Lys Asp Cys Val Val Gly Glu Val Ile Ala Ile  
50 55 60

Ile Glu Asp Ile Arg Gly Pro Phe Phe Leu Gly Ile Val Arg Cys Pro  
65 70 75 80

Gln Leu His Ala Val Leu Phe Glu Ala Ala His Ser Asn Phe Phe Gly  
85 90 95

Asn Arg Asp Ser Val Leu Ser Pro Leu Glu Arg Ala Leu Tyr Leu Val  
100 105 110

Thr Asn Tyr Leu Pro Ser Val Ser Leu Ser Ser Lys Arg Leu Ser Pro  
115 120 125

Asn Glu Ile Pro Asp Gly Asn Phe Phe Thr His Val Ala Leu Cys Val  
130 135 140

Val Gly Arg Arg Val Gly Thr Val Val Asn Tyr Asp Cys Thr Pro Glu  
145 150 155 160

Ser Ser Ile Glu Pro Phe Arg Val Leu Ser Met Glu Ser Lys Ala Arg  
165 170 175

Leu Leu Ser Leu Val Lys Asp Tyr Ala Gly Leu Asn Lys Val Trp Lys  
180 185 190

Val Ser Glu Asp Lys Leu Ala Lys Val Leu Leu Ser Thr Ala Val Asn  
195 200 205

Asn Met Leu Leu Arg Asp Arg Trp Asp Val Val Ala Lys Arg Arg Arg  
210 215 220

Glu Ala Gly Ile Met Gly His Val Tyr Leu Gln Ala Ser Thr Gly Tyr  
225 230 235 240

Gly Leu Ala Arg Ile Thr Asn Val Asn Gly Val Glu Ser Lys Leu Pro  
245 250 255

Asn Ala Gly Val Ile Asn Ala Thr Phe His Pro Gly Gly Pro Ile Tyr  
260 265 270

Asp Leu Ala Leu Gly Val Gly Glu Ser Asn Glu Asp Cys Glu Lys Thr  
275 280 285

Val Pro His Leu Lys Val Thr Gln Leu Cys Arg Asn Asp Ser Asp Met  
290 295 300

Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro Ser  
305 310 315 320

Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr Tyr  
325 330 335

Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile Gly  
340 345 350

Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro His  
355 360 365

Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro Gly  
370 375 380

His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Pro Asn Arg  
385 390 395 400

Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu Arg  
405 410 415

Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr Asp  
420 425 430

Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg Glu  
435 440 445

Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe Pro  
450 455 460

Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg Arg  
465 470 475 480

Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser Asn  
485 490 495

Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln Glu  
500 505 510

Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser His  
 515 520 525

His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile Leu  
 530 535 540

Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn Thr  
 545 550 555 560

Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala Val  
 565 570 575

Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp Asp  
 580 585 590

Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys  
 595 600 605

<210> 64

<211> 1194

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 64

Met Ala Ile Arg Thr Gly Phe Cys Asn Pro Phe Leu Thr Gln Ala Ser  
 1 5 10 15

Gly Ile Lys Tyr Asn Pro Arg Thr Gly Arg Gly Ser Asn Arg Glu Phe  
 20 25 30

Leu His Ser Tyr Lys Thr Thr Met Ser Ser Phe Gln Phe Leu Ala Pro  
 35 40 45

Lys Cys Leu Asp Glu Asp Val Pro Met Glu Glu Arg Lys Gly Val His  
 50 55 60

Val Gly Thr Leu Ser Arg Pro Pro Lys Val Tyr Cys Asn Gly Lys Glu  
 65 70 75 80



Val Pro Ile Leu Asp Phe Arg Cys Ser Ser Pro Trp Pro Arg Arg Val  
85 90 95

Asn Ile Trp Gly Glu Ile Asp Phe Arg Gly Asp Lys Phe Asp Pro Arg  
100 105 110

Phe Asn Thr Phe His Val Tyr Asp Ile Val Glu Thr Thr Glu Ala Ala  
115 120 125

Ser Asn Gly Asp Val Ser Arg Phe Ala Thr Ala Thr Arg Pro Leu Gly  
130 135 140

Thr Val Ile Thr Leu Leu Gly Met Ser Arg Cys Gly Lys Arg Val Ala  
145 150 155 160

Val His Val Tyr Gly Ile Cys Gln Tyr Phe Tyr Ile Asn Lys Ala Glu  
165 170 175

Val Asp Thr Ala Cys Gly Ile Arg Ser Gly Ser Glu Leu Ser Val Leu  
180 185 190

Leu Ala Glu Cys Leu Arg Ser Ser Met Ile Thr Gln Asn Asp Ala Thr  
195 200 205

Leu Asn Gly Asp Lys Asn Ala Phe His Gly Thr Ser Phe Lys Ser Ala  
210 215 220

Ser Pro Glu Ser Phe Arg Val Glu Val Ile Glu Arg Thr Asp Val Tyr  
225 230 235 240

Tyr Tyr Asp Thr Gln Pro Cys Ala Phe Tyr Arg Val Tyr Ser Pro Ser  
245 250 255

Ser Lys Phe Thr Asn Tyr Leu Cys Asp Asn Phe His Pro Glu Leu Lys  
260 265 270

Lys Tyr Glu Gly Arg Val Asp Ala Thr Thr Arg Phe Leu Met Asp Asn

275

280

285

Pro Gly Phe Val Ser Phe Gly Trp Tyr Gln Leu Lys Pro Gly Val Asp  
 290 295 300

Gly Glu Arg Val Arg Val Arg Pro Ala Ser Arg Gln Leu Thr Leu Ser  
 305 310 315 320

Asp Val Glu Ile Asp Cys Met Ser Asp Asn Leu Gln Ala Ile Pro Asn  
 325 330 335

Asp Asp Ser Trp Pro Asp Tyr Lys Leu Leu Cys Phe Asp Ile Glu Cys  
 340 345 350

Lys Ser Gly Gly Ser Asn Glu Leu Ala Phe Pro Asp Ala Thr His Leu  
 355 360 365

Glu Asp Leu Val Ile Gln Ile Ser Cys Leu Leu Tyr Ser Ile Pro Arg  
 370 375 380

Gln Ser Leu Glu His Ile Leu Leu Phe Ser Leu Gly Ser Cys Asp Leu  
 385 390 395 400

Pro Gln Arg Tyr Val Gln Glu Met Lys Asp Ala Gly Leu Pro Glu Pro  
 405 410 415

Thr Val Leu Glu Phe Asp Ser Glu Phe Glu Leu Leu Ile Ala Phe Met  
 420 425 430

Thr Leu Val Lys Gln Tyr Ala Pro Glu Phe Ala Thr Gly Tyr Asn Ile  
 435 440 445

Val Asn Phe Asp Trp Ala Phe Ile Met Glu Lys Leu Asn Ser Ile Tyr  
 450 455 460

Ser Leu Lys Leu Asp Gly Tyr Gly Ser Ile Asn Arg Gly Gly Leu Phe  
 465 470 475 480

Lys Ile Trp Asp Val Gly Lys Ser Gly Phe Gln Arg Arg Ser Lys Val  
485 490 495

Lys Ile Asn Gly Leu Ile Ser Leu Asp Met Tyr Ala Ile Ala Thr Glu  
500 505 510

Lys Leu Lys Leu Ser Ser Tyr Lys Leu Asp Ser Val Ala Arg Glu Ala  
515 520 525

Leu Asn Glu Ser Lys Arg Asp Leu Pro Tyr Lys Asp Ile Pro Gly Tyr  
530 535 540

Tyr Ala Ser Gly Pro Asn Thr Arg Gly Ile Ile Gly Glu Tyr Cys Ile  
545 550 555 560

Gln Asp Ser Ala Leu Val Gly Lys Leu Phe Phe Lys Tyr Leu Pro His  
565 570 575

Leu Glu Leu Ser Ala Val Ala Arg Leu Ala Arg Ile Thr Leu Thr Lys  
580 585 590

Ala Ile Tyr Asp Gly Gln Gln Val Arg Ile Tyr Thr Cys Leu Leu Gly  
595 600 605

Leu Ala Ser Ser Arg Gly Phe Ile Leu Pro Asp Gly Gly Tyr Pro Ala  
610 615 620

Thr Phe Glu Tyr Lys Asp Val Ile Pro Asp Val Gly Asp Val Glu Glu  
625 630 635 640

Glu Met Asp Glu Asp Glu Ser Val Ser Pro Thr Gly Thr Ser Ser Gly  
645 650 655

Arg Asn Val Gly Tyr Lys Gly Ala Arg Val Phe Asp Pro Asp Thr Gly  
660 665 670

Phe Tyr Ile Asp Pro Val Val Val Leu Asp Phe Ala Ser Leu Tyr Pro

675

680

685

Ser Ile Ile Gln Ala His Asn Leu Cys Phe Thr Thr Leu Thr Leu Asn  
690 695 700

Phe Glu Thr Val Lys Arg Leu Asn Pro Ser Asp Tyr Ala Thr Phe Thr  
705 710 715 720

Val Gly Gly Lys Arg Leu Phe Phe Val Arg Ser Asn Val Arg Glu Ser  
725 730 735

Leu Leu Gly Val Leu Leu Lys Asp Trp Leu Ala Met Arg Lys Ala Ile  
740 745 750

Arg Ala Arg Ile Pro Gly Ser Ser Ser Asp Glu Ala Val Leu Leu Asp  
755 760 765

Lys Gln Gln Ala Ala Ile Lys Val Val Cys Asn Ser Val Tyr Gly Phe  
770 775 780

Thr Gly Val Ala Gln Gly Phe Leu Pro Cys Leu Tyr Val Ala Ala Thr  
785 790 795 800

Val Thr Thr Ile Gly Arg Gln Met Leu Leu Ser Thr Arg Asp Tyr Ile  
805 810 815

His Asn Asn Trp Ala Ala Phe Glu Arg Phe Ile Thr Ala Phe Pro Asp  
820 825 830

Ile Glu Ser Ser Val Leu Ser Gln Lys Ala Tyr Glu Val Lys Val Ile  
835 840 845

Tyr Gly Asp Thr Asp Ser Val Phe Ile Arg Phe Lys Gly Val Ser Val  
850 855 860

Glu Gly Ile Ala Lys Ile Gly Glu Lys Met Ala His Ile Ile Ser Thr  
865 870 875 880

Ala Leu Phe Cys Pro Pro Ile Lys Leu Glu Cys Glu Lys Thr Phe Ile  
885 890 895

Lys Leu Leu Leu Ile Thr Lys Lys Lys Tyr Ile Gly Val Ile Tyr Gly  
900 905 910

Gly Lys Val Leu Met Lys Gly Val Asp Leu Val Arg Lys Asn Asn Cys  
915 920 925

Gln Phe Ile Asn Asp Tyr Ala Arg Lys Leu Val Glu Leu Leu Leu Tyr  
930 935 940

Asp Asp Thr Val Ser Arg Ala Ala Ala Glu Ala Ser Cys Val Ser Ile  
945 950 955 960

Ala Glu Trp Asn Arg Arg Ala Met Pro Ser Gly Met Ala Gly Phe Gly  
965 970 975

Arg Ile Ile Ala Asp Ala His Arg Gln Ile Thr Ser Pro Lys Leu Asp  
980 985 990

Ile Asn Lys Phe Val Met Thr Ala Glu Leu Ser Arg Pro Pro Ser Ala  
995 1000 1005

Tyr Ile Asn Arg Arg Leu Ala His Leu Thr Val Tyr Tyr Lys Leu  
1010 1015 1020

Val Met Arg Gln Gly Gln Ile Pro Asn Val Arg Glu Arg Ile Pro  
1025 1030 1035

Tyr Val Ile Val Ala Pro Thr Asp Glu Val Glu Ala Asp Ala Lys  
1040 1045 1050

Ser Val Ala Leu Leu Arg Gly Asp Pro Leu Gln Asn Thr Ala Gly  
1055 1060 1065

Lys Arg Cys Gly Glu Ala Lys Arg Lys Leu Ile Ile Ser Asp Leu



Val Phe Ser Glu Asn Thr Gly Asp Ser Asn Pro Ser Met Gly Ser Ser  
20 25 30

Asp Ser Thr Arg Ser Ile Ser Gly Met Arg Ala Arg Asp Leu Ile Thr  
 35 40 45

Asp Thr Asp Val Asn Leu Leu Asn Ile Asp Ala Leu Glu Ser Lys Tyr  
 50 55 60

Phe Pro Ala Asp Ser Thr Phe Thr Leu Ser Val Trp Phe Glu Asn Leu  
 65 70 75 80

Ile Pro Pro Glu Ile Glu Ala Ile Leu Pro Thr Thr Asp Ala Gln Leu  
 85 90 95

Asn Tyr Ile Ser Phe Thr Ser Arg Leu Ala Ser Val Leu Lys His Lys  
 100 105 110

Glu Ser Asn Asp Ser Glu Lys Ser Ala Tyr Val Val Pro Cys Glu His  
 115 120 125

Ser Ala Ser Val Thr Arg Arg Arg Glu Arg Phe Ala Gly Val Met Ala  
 130 135 140

Lys Phe Leu Asp Leu His Glu Ile Leu Lys Asp Ala  
 145 150 155

<210> 66  
 <211> 269  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 66

Met Ser Arg Arg Thr Tyr Val Arg Ser Glu Arg Arg Arg Gly Cys Gly  
 1 5 10 15

Asp Asn Leu Leu Gln Arg Ile Arg Leu Val Val Pro Ser Ala Leu Gln  
 20 25 30

Cys Cys Asp Gly Asp Leu Pro Ile Phe Asp Pro Gln Arg Pro Pro Ala  
 35 40 45

Arg Cys Val Phe Gln Phe Asn Gly Glu Asp Asn Val Ser Glu Ala Phe  
50 55 60

Pro Val Glu Tyr Ile Met Arg Leu Met Ala Asn Trp Ala Gln Val Asp  
65 70 75 80

Cys Asp Pro Tyr Ile Lys Ile Gln Asn Thr Gly Val Ser Val Leu Phe  
85 90 95

Gln Gly Phe Phe Phe Arg Pro Thr Asn Ala Pro Val Ala Glu Val Ser  
100 105 110

Ile Asp Ser Asn Asn Val Ile Leu Ser Ser Thr Leu Ser Thr Gly Ile  
115 120 125

Asn Leu Ser Ala Leu Glu Ser Ile Lys Arg Gly Gly Gly Ile Asp Arg  
130 135 140

Arg Pro Leu Gln Ala Leu Met Trp Val Asn Cys Phe Val Arg Met Pro  
145 150 155 160

Tyr Val Gln Leu Ser Phe Arg Phe Met Gly Pro Glu Asp Pro Ser Arg  
165 170 175

Thr Ile Lys Leu Met Ala Arg Ala Thr Asp Ala Tyr Met Tyr Lys Glu  
180 185 190

Thr Gly Asn Asn Leu Asp Glu Tyr Ile Arg Trp Arg Pro Ser Phe Arg  
195 200 205

Ser Pro Pro Glu Asn Gly Ser Pro Asn Thr Ser Val Gln Met Gln Ser  
210 215 220

Asp Ile Lys Pro Ala Leu Pro Asp Thr Gln Thr Thr Arg Val Trp Lys  
225 230 235 240

Leu Ala Leu Pro Val Ala Asn Val Thr Tyr Ala Leu Phe Ile Val Ile

245

250

255

Val Leu Val Val Val Leu Gly Ala Val Leu Phe Trp Lys  
 260 265

<210> 67  
 <211> 235  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 67

Met Thr Gln Pro Ala Ser Ser Arg Val Val Phe Asp Pro Ser Asn Pro  
 1 5 10 15

Thr Thr Phe Ser Val Glu Ala Ile Ala Ala Tyr Thr Pro Val Ala Leu  
 20 25 30

Ile Arg Leu Leu Asn Ala Ser Gly Pro Leu Gln Pro Gly His Arg Val  
 35 40 45

Asp Ile Ala Asp Ala Arg Ser Ile Tyr Thr Val Gly Ala Ala Ala Ser  
 50 55 60

Ala Ala Arg Ala Arg Ala Asn His Asn Ala Asn Thr Ile Arg Arg Thr  
 65 70 75 80

Ala Met Phe Ala Glu Thr Asp Pro Met Thr Trp Leu Arg Pro Thr Val  
 85 90 95

Gly Leu Lys Arg Thr Phe Asn Pro Arg Ile Ile Arg Pro Gln Pro Pro  
 100 105 110

Asn Pro Ser Met Ser Leu Gly Ile Ser Gly Pro Thr Ile Leu Pro Gln  
 115 120 125

Lys Thr Gln Ser Ala Asp Gln Ser Ala Leu Gln Gln Pro Ala Ala Leu  
 130 135 140

Ala Phe Ser Gly Ser Ser Pro Gln His Pro Pro Pro Gln Thr Thr Ser  
145 150 155 160

Ala Ser Val Gly Gln Gln Gln His Val Val Ser Gly Ser Ser Gly Gln  
165 170 175

Gln Pro Gln Gln Gly Ala Gln Ser Ser Thr Val Gln Pro Thr Thr Gly  
180 185 190

Ser Pro Pro Ala Ala Gln Gly Val Pro Gln Ser Thr Pro Pro Pro Thr  
195 200 205

Gln Asn Thr Pro Gln Gly Gly Lys Gly Gln Thr Leu Ser His Thr Gly  
210 215 220

Gln Ser Gly Asn Ala Ser Arg Ser Arg Arg Val  
225 230 235

<210> 68  
<211> 483  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 68

Met Gly Ser Gln Pro Thr Asn Ser His Phe Thr Leu Asn Glu Gln Thr  
1 5 10 15

Leu Cys Gly Thr Asn Ile Ser Leu Leu Gly Asn Asn Arg Phe Ile Gln  
20 25 30

Ile Gly Asn Gly Leu His Met Thr Tyr Ala Pro Gly Phe Phe Gly Asn  
35 40 45

Trp Ser Arg Asp Leu Thr Ile Gly Pro Arg Phe Gly Gly Leu Asn Lys  
50 55 60

Gln Pro Ile His Val Pro Pro Lys Arg Thr Glu Thr Ala Ser Ile Gln  
65 70 75 80



Val Thr Pro Arg Ser Ile Val Ile Asn Arg Met Asn Asn Ile Gln Ile  
85 90 95

Asn Pro Thr Ser Ile Gly Asn Pro Gln Val Thr Ile Arg Leu Pro Leu  
100 105 110

Asn Asn Phe Lys Ser Thr Thr Gln Leu Ile Gln Gln Val Ser Leu Thr  
115 120 125

Asp Phe Phe Arg Pro Asp Ile Glu His Ala Gly Ser Ile Val Leu Ile  
130 135 140

Leu Arg His Pro Ser Asp Met Ile Gly Glu Ala Asn Thr Leu Thr Gln  
145 150 155 160

Ala Gly Arg Asp Pro Asp Val Leu Leu Glu Gly Leu Arg Asn Leu Phe  
165 170 175

Asn Ala Cys Thr Ala Pro Trp Thr Val Gly Glu Gly Gly Gly Leu Arg  
180 185 190

Ala Tyr Val Thr Ser Leu Ser Phe Ile Ala Ala Cys Arg Ala Glu Glu  
195 200 205

Tyr Thr Asp Lys Gln Ala Ala Asp Ala Asn Arg Thr Ala Ile Val Ser  
210 215 220

Ala Tyr Gly Cys Ser Arg Met Glu Thr Arg Leu Ile Arg Phe Ser Glu  
225 230 235 240

Cys Leu Arg Ala Met Val Gln Cys His Val Phe Pro His Arg Phe Ile  
245 250 255

Ser Phe Phe Gly Ser Leu Leu Glu Tyr Thr Ile Gln Asp Asn Leu Cys  
260 265 270

Asn Ile Thr Ala Val Ala Lys Gly Pro Gln Glu Ala Ala Arg Thr Asp

275

280

285

Lys Thr Ser Thr Arg Arg Val Thr Ala Asn Ile Pro Ala Cys Val Phe  
290 295 300

Trp Asp Val Asp Lys Asp Leu His Leu Ser Ala Asp Gly Leu Lys His  
305 310 315 320

Val Phe Leu Val Phe Val Tyr Thr Gln Arg Arg Gln Arg Glu Gly Val  
325 330 335

Arg Leu His Leu Ala Leu Ser Gln Leu Asn Glu Gln Cys Phe Gly Arg  
340 345 350

Gly Ile Gly Phe Leu Leu Gly Arg Ile Arg Ala Glu Asn Ala Ala Trp  
355 360 365

Gly Thr Glu Gly Val Ala Asn Thr His Gln Pro Tyr Asn Thr Arg Ala  
370 375 380

Leu Pro Leu Val Gln Leu Ser Asn Asp Pro Thr Ser Pro Arg Cys Ser  
385 390 395 400

Ile Gly Glu Ile Thr Gly Val Asn Trp Asn Leu Ala Arg Gln Arg Leu  
405 410 415

Tyr Gln Trp Thr Gly Asp Phe Arg Gly Leu Pro Thr Gln Leu Ser Cys  
420 425 430

Met Tyr Ala Ala Tyr Thr Leu Ile Gly Thr Ile Pro Ser Glu Ser Val  
435 440 445

Arg Tyr Thr Arg Arg Met Glu Arg Phe Gly Gly Tyr Asn Val Pro Thr  
450 455 460

Ile Trp Leu Glu Gly Val Val Trp Gly Gly Thr Asn Thr Trp Asn Glu  
465 470 475 480

Cys Tyr Tyr

<210> 69  
 <211> 775  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 69

Met Glu Phe Lys Arg Ile Phe Asn Thr Val His Asp Ile Ile Asn Arg  
 1 5 10 15

Leu Cys Gln His Gly Tyr Lys Glu Tyr Ile Ile Pro Pro Glu Ser Thr  
 20 25 30

Thr Pro Val Glu Leu Met Glu Tyr Ile Ser Thr Ile Val Ser Lys Leu  
 35 40 45

Lys Ala Val Thr Arg Gln Asp Glu Arg Val Tyr Arg Cys Cys Gly Glu  
 50 55 60

Leu Ile His Cys Arg Ile Asn Leu Arg Ser Val Ser Met Glu Thr Trp  
 65 70 75 80

Leu Thr Ser Pro Ile Leu Cys Leu Thr Pro Arg Val Arg Gln Ala Ile  
 85 90 95

Glu Gly Arg Arg Asp Glu Ile Arg Arg Ala Ile Leu Glu Pro Phe Leu  
 100 105 110

Lys Asp Gln Tyr Pro Ala Leu Ala Thr Leu Gly Leu Gln Ser Ala Leu  
 115 120 125

Lys Tyr Glu Asp Phe Tyr Leu Thr Lys Leu Glu Glu Gly Lys Leu Glu  
 130 135 140

Ser Leu Cys Gln Phe Phe Leu Arg Leu Ala Ala Thr Val Thr Thr Glu  
 145 150 155 160

Ile Val Asn Leu Pro Lys Ile Ala Thr Leu Ile Pro Gly Ile Asn Asp  
165 170 175

Gly Tyr Thr Trp Thr Asp Val Cys Arg Val Phe Phe Thr Ala Leu Ala  
180 185 190

Cys Gln Lys Ile Val Pro Ala Thr Pro Val Met Met Phe Leu Gly Arg  
195 200 205

Glu Thr Gly Ala Thr Ala Ser Cys Tyr Leu Met Asp Pro Glu Ser Ile  
210 215 220

Thr Val Gly Arg Ala Val Arg Ala Ile Thr Gly Asp Val Gly Thr Val  
225 230 235 240

Leu Gln Ser Arg Gly Gly Val Gly Ile Ser Leu Gln Ser Leu Asn Leu  
245 250 255

Ile Pro Thr Glu Asn Gln Thr Lys Gly Leu Leu Ala Val Leu Lys Leu  
260 265 270

Leu Asp Cys Met Val Met Ala Ile Asn Ser Asp Cys Glu Arg Pro Thr  
275 280 285

Gly Val Cys Val Tyr Ile Glu Pro Trp His Val Asp Leu Gln Thr Val  
290 295 300

Leu Ala Thr Arg Gly Met Leu Val Arg Asp Glu Ile Phe Arg Cys Asp  
305 310 315 320

Asn Ile Phe Cys Cys Leu Trp Thr Pro Asp Leu Phe Phe Glu Arg Tyr  
325 330 335

Leu Ser Tyr Leu Lys Gly Ala Ser Asn Val Gln Trp Thr Leu Phe Asp  
340 345 350

Asn Arg Ala Asp Ile Leu Arg Thr Leu His Gly Glu Ala Phe Thr Ser  
355 360 365

Thr Tyr Leu Arg Leu Glu Arg Glu Gly Leu Gly Val Ser Ser Val Pro  
370 375 380

Ile Gln Asp Ile Ala Phe Thr Ile Ile Arg Ser Ala Ala Val Thr Gly  
385 390 395 400

Ser Pro Phe Leu Met Phe Lys Asp Ala Cys Asn Arg Asn Tyr His Met  
405 410 415

Asn Thr Gln Gly Asn Ala Ile Thr Gly Ser Asn Leu Cys Thr Glu Ile  
420 425 430

Val Gln Lys Ala Asp Ala His Gln His Gly Val Cys Asn Leu Ala Ser  
435 440 445

Ile Asn Leu Thr Thr Cys Leu Ser Lys Gly Pro Val Ser Phe Asn Leu  
450 455 460

Asn Asp Leu Gln Leu Thr Ala Arg Thr Thr Val Ile Phe Leu Asn Gly  
465 470 475 480

Val Leu Ala Ala Gly Asn Phe Pro Cys Lys Lys Ser Cys Lys Gly Val  
485 490 495

Lys Asn Asn Arg Ser Leu Gly Ile Gly Ile Gln Gly Leu His Thr Thr  
500 505 510

Cys Leu Arg Leu Gly Phe Asp Leu Thr Ser Gln Pro Ala Arg Arg Leu  
515 520 525

Asn Val Gln Ile Ala Glu Leu Met Leu Tyr Glu Thr Met Lys Thr Ser  
530 535 540

Met Glu Met Cys Lys Ile Gly Gly Leu Ala Pro Phe Lys Gly Phe Thr  
545 550 555 560



Glu Ser Lys Tyr Ala Lys Gly Trp Leu His Gln Asp Gly Phe Ser Thr  
565 570 575

Ile Ser Tyr Leu Asp Leu Pro Trp Cys Thr Leu Arg Asp Asp Ile Cys  
580 585 590

Ala Tyr Gly Leu Tyr Asn Ser Gln Phe Leu Ala Leu Met Pro Thr Val  
595 600 605

Ser Ser Ala Gln Val Thr Glu Cys Ser Glu Gly Phe Ser Pro Ile Tyr  
610 615 620

Asn Asn Met Phe Ser Lys Val Thr Thr Ser Gly Glu Leu Leu Arg Pro  
625 630 635 640

Asn Leu Asp Leu Met Asp Glu Leu Arg Asp Met Tyr Ser Cys Glu Glu  
645 650 655

Lys Arg Leu Glu Val Ile Asn Ile Leu Glu Lys Asn Gln Trp Ser Val  
660 665 670

Ile Arg Ser Phe Gly Cys Leu Ser Asn Ser His Pro Leu Leu Lys Tyr  
675 680 685

Lys Thr Ala Phe Glu Tyr Glu Gln Glu Asp Leu Val Asp Met Cys Ala  
690 695 700

Glu Arg Ala Pro Phe Ile Asp Gln Ser Gln Ser Met Thr Leu Phe Ile  
705 710 715 720

Glu Glu Arg Pro Asp Gly Thr Ile Pro Ala Ser Lys Ile Met Asn Leu  
725 730 735

Leu Ile Arg Ala Tyr Lys Ala Gly Leu Lys Thr Gly Met Tyr Tyr Cys  
740 745 750

Lys Ile Arg Lys Ala Thr Asn Ser Gly Leu Phe Ala Gly Gly Glu Leu  
755 760 765

Thr Cys Thr Ser Cys Ala Leu  
770 775

<210> 70  
<211> 306  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 70

Met Asp Gln Lys Asp Cys Ser His Phe Phe Tyr Arg Pro Glu Cys Pro  
1 5 10 15

Asp Ile Asn Asn Leu Arg Ala Leu Ser Ile Ser Asn Arg Trp Leu Glu  
20 25 30

Ser Asp Phe Ile Ile Glu Asp Asp Tyr Gln Tyr Leu Asp Cys Leu Thr  
35 40 45

Glu Asp Glu Leu Ile Phe Tyr Arg Phe Ile Phe Thr Phe Leu Ser Ala  
50 55 60

Ala Asp Asp Leu Val Asn Val Asn Leu Gly Ser Leu Thr Gln Leu Phe  
65 70 75 80

Ser Gln Lys Asp Ile His His Tyr Tyr Ile Glu Gln Glu Cys Ile Glu  
85 90 95

Val Val His Ala Arg Val Tyr Ser Gln Ile Gln Leu Met Leu Phe Arg  
100 105 110

Gly Asp Glu Ser Leu Arg Val Gln Tyr Val Asn Val Thr Ile Asn Asn  
115 120 125

Pro Ser Ile Gln Gln Lys Val Gln Trp Leu Glu Glu Lys Val Arg Asp  
130 135 140

Asn Pro Ser Val Ala Glu Lys Tyr Ile Leu Met Ile Leu Ile Glu Gly  
145 150 155 160

Ile Phe Phe Val Ser Ser Phe Ala Ala Ile Ala Tyr Leu Arg Asn Asn  
165 170 175

Gly Leu Phe Val Val Thr Cys Gln Phe Asn Asp Leu Ile Ser Arg Asp  
180 185 190

Glu Ala Ile His Thr Ser Ala Ser Cys Cys Ile Tyr Asn Asn Tyr Val  
195 200 205

Pro Glu Lys Pro Ala Ile Thr Arg Ile His Gln Leu Phe Ser Glu Ala  
210 215 220

Val Glu Ile Glu Cys Ala Phe Leu Lys Ser His Ala Pro Lys Thr Arg  
225 230 235 240

Leu Val Asn Val Asp Ala Ile Thr Gln Tyr Val Lys Phe Ser Ala Asp  
245 250 255

Arg Leu Leu Ser Ala Ile Asn Val Pro Lys Leu Phe Asn Thr Pro Pro  
260 265 270

Pro Asp Ser Asp Phe Pro Leu Ala Phe Met Ile Ala Asp Lys Asn Thr  
275 280 285

Asn Phe Phe Glu Arg His Ser Thr Ser Tyr Ala Gly Thr Val Ile Asn  
290 295 300

Asp Leu  
305

<210> 71  
<211> 408  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

&lt;400&gt; 71

Met Asp Leu Arg Ser Arg Thr Asp Asp Ala Leu Asp Met Glu Leu His  
1 5 10 15

Ala Gly Phe Asp Ala Pro Glu Ile Ala Arg Ala Val Leu Thr Glu Lys  
20 25 30

Thr Leu Thr Gly Leu Ile Ser Ser Ile Ser Pro Leu Val Asn Arg Leu  
35 40 45

Arg Asp Ser Ile Leu Ile Phe Ser Asp Glu Gly Leu Ile Ile His Cys  
50 55 60

Ser Leu Glu Thr Glu Gln Leu Tyr Ile Pro Ile Pro Ala Asn Met Phe  
65 70 75 80

Asp Gln Tyr Asn Trp Thr Gly Pro Arg Met Val Val Leu Ala Ala Thr  
85 90 95

Glu Gly Arg Ser Ser Leu Ile Asp Ala Phe Arg His Thr Lys Asp Pro  
100 105 110

Ser Thr Pro Thr Arg Leu Tyr Phe Lys Phe Thr Gly Gln Pro Pro Glu  
115 120 125

Arg Ser Ile Ile Gln Thr Met Val Trp Gln Arg Pro Gly Asp Cys Gly  
130 135 140

Pro Asp Asp Gln Val Gln Cys Tyr Lys Gln Val Val Lys Arg Glu Leu  
145 150 155 160

Ala Cys Tyr Thr Met Met Phe Pro Asn Leu Thr Pro Asp Ile Ser Ile  
165 170 175

Cys Leu Lys Arg Asp Gln Phe Thr Arg Leu Gln Arg Leu Leu Lys Thr  
180 185 190

Phe Gly Phe Thr Thr Cys Phe Ile Leu Thr Ala Thr Asp Met Tyr Ile  
195 200 205

Gln Thr Ala Gly Gly Gly Phe Ile Ser Phe Asn Val Ser Leu Asp Ile  
210 215 220

Asn Gly Ser Lys Pro Thr Pro Tyr Asn Leu Ile Arg Ser Ile Thr Asn  
225 230 235 240

Ser Lys Arg Ile Leu Asn Asn Val Val Tyr Gly Ser Gly Ser Met Arg  
245 250 255

Glu Phe Gly Val Leu Leu Glu Thr His Ser Gly Phe Arg Ser Ala Val  
260 265 270

Gln Asn Leu Lys Leu Thr Arg Asp Glu Thr Cys Tyr Ile Asn Phe Tyr  
275 280 285

Leu Ala Leu Thr Asn Ser Pro Met Val Gly Leu Tyr Ile Gln Arg Ser  
290 295 300

Ala Pro Val His Ser Phe Phe Tyr Ala Thr Phe Leu Ser Pro Lys Asp  
305 310 315 320

Leu Lys Glu Lys Leu Thr Ser Met Gln Leu Phe Ala Asn Met Glu Ser  
325 330 335

Val Lys Asp Glu Pro Pro Leu Lys Lys Arg Arg Asn Leu Leu Thr Lys  
340 345 350

Arg Asn Glu Lys Asn Thr Gly Asn Lys Met Gly Gly Lys Leu Pro Glu  
355 360 365

Thr Thr Trp Gln Glu Gly Ile Gly Ile Arg Glu Tyr Cys Val Ala Pro  
370 375 380

Pro Val Asp Pro Ala Gly Thr Leu Asp Tyr Ser Glu Leu Ser Arg Glu  
385 390 395 400



Ser Asp Val Ile Cys Thr Val Lys  
405

<210> 72  
<211> 406  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 72

Met Ala Val Asn Gly Glu Arg Ala Val His Asp Glu Asn Leu Gly Val  
1 5 10 15

Leu Asp Arg Glu Leu Ile Arg Ala Gln Ser Ile Gln Gly Cys Val Gly  
20 25 30

Asn Pro Gln Glu Cys Asn Ser Cys Ala Ile Thr Ser Ala Ser Arg Leu  
35 40 45

Phe Leu Val Gly Leu Gln Ala Ser Val Ile Thr Ser Gly Leu Ile Leu  
50 55 60

Gln Tyr His Val Cys Glu Ala Ala Val Asn Ala Thr Ile Met Gly Leu  
65 70 75 80

Ile Val Val Ser Gly Leu Trp Pro Thr Ser Val Lys Phe Leu Arg Thr  
85 90 95

Leu Ala Lys Leu Gly Arg Cys Leu Gln Thr Val Val Val Leu Gly Phe  
100 105 110

Ala Val Leu Trp Ala Val Gly Cys Pro Ile Ser Arg Asp Leu Pro Phe  
115 120 125

Val Glu Leu Leu Gly Ile Ser Ile Ser Ala Ile Thr Gly Thr Val Ala  
130 135 140

Ala Val His Ile His Tyr Tyr Asn Phe Val Thr Thr Phe Asn Gly Pro

145	150	155	160
His Ile Tyr Phe Tyr Val Met Met Leu Gly Thr Gly Leu Gly Gly Leu	165	170	175
Leu Thr Val Ile Leu Tyr Met Tyr Val Ser Lys Tyr Glu Val Leu Ile	180	185	190
Gly Leu Cys Ile Ser Ile Val Thr Leu Val Ser Ile Val Asp Ala Ala	195	200	205
Thr Asp Leu Gln Asp Thr Cys Ile Tyr Arg Lys Asn Arg His Lys Gln	210	215	220
Leu Asn Thr Tyr Thr Asp Leu Gly Phe Ala Val Val Tyr Thr Gln Asn	225	230	235
Asp Arg Gly Arg Val Cys Asp His Arg Glu Ser Ser Arg Thr Leu Lys	245	250	255
Arg Val Phe Lys Gly Ile Arg Ile Met Ser Val Ile Pro Pro Val Leu	260	265	270
Tyr Ile Val Thr Pro Leu Met Trp Ala Ile Ser His Ile Ile Lys Leu	275	280	285
Asn His Phe Ile Lys Leu Thr Gln Val Thr Leu Ala Val Ser Ile Gly	290	295	300
Gly His Ile Ile Ala Phe Gly Leu Gln Gly Phe Ala Val Leu Tyr Gln	305	310	315
Glu Lys Lys Asn Leu Trp Val Ile Val Leu Tyr Thr Thr Thr Ser Val	325	330	335
Thr Gly Ile Ala Val Thr Phe Ala Gly Ile Ser Trp Gly Ala Ile Ile	340	345	350

Ile Leu Thr Ser Thr Val Ala Ala Gly Leu Thr Cys Ile Gln Met Met  
355 360 365

Arg Leu Ser Val Lys Pro Ile Asp Cys Phe Met Ala Ser His Ile Thr  
370 375 380

Lys Val Tyr His Val Cys Val Tyr Ile Ile Ile Asn Leu Cys Tyr Leu  
385 390 395 400

Cys Gly Thr Tyr Val Ser  
405

<210> 73  
<211> 560  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 73

Met Lys Arg Ile Gln Ile Asn Leu Ile Leu Thr Ile Ala Cys Ile Gln  
1 5 10 15

Leu Ser Thr Glu Ser Gln Pro Thr Pro Val Ser Ile Thr Glu Leu Tyr  
20 25 30

Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser  
35 40 45

Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala  
50 55 60

Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg  
65 70 75 80

Lys Pro Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro  
85 90 95

Asp Pro Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro  
100 105 110

Ala Val Ala Pro Thr Ser Ala Ala Thr Arg Lys Pro Asp Pro Ala Val  
115 120 125

Ala Pro Thr Ser Ala Ala Ser Arg Lys Pro Asp Pro Ala Ala Asn Thr  
130 135 140

Gln His Ser Gln Pro Pro Phe Leu Tyr Glu Asn Ile Gln Cys Val His  
145 150 155 160

Gly Gly Ile Gln Ser Ile Pro Tyr Phe His Thr Phe Ile Met Pro Cys  
165 170 175

Tyr Met Arg Leu Thr Thr Gly Gln Gln Ala Ala Phe Lys Gln Gln Gln  
180 185 190

Lys Thr Tyr Glu Gln Tyr Ser Leu Asp Pro Glu Gly Ser Asn Ile Thr  
195 200 205

Arg Trp Lys Ser Leu Ile Arg Pro Asp Leu His Ile Glu Val Trp Phe  
210 215 220

Thr Arg His Leu Ile Asp Pro His Arg Gln Leu Gly Asn Ala Leu Ile  
225 230 235 240

Arg Met Pro Asp Leu Pro Val Met Leu Tyr Ser Asn Ser Ala Asp Leu  
245 250 255

Asn Leu Ile Asn Asn Pro Glu Ile Phe Thr His Ala Lys Glu Asn Tyr  
260 265 270

Val Ile Pro Asp Val Lys Thr Thr Ser Asp Phe Ser Val Thr Ile Leu  
275 280 285

Ser Met Asp Ala Thr Thr Glu Gly Thr Tyr Ile Trp Arg Val Val Asn  
290 295 300

Thr Lys Thr Lys Asn Val Ile Ser Glu His Ser Ile Thr Val Thr Thr  
305 310 315 320

Tyr Tyr Arg Pro Asn Ile Thr Val Val Gly Asp Pro Val Leu Thr Gly  
325 330 335

Gln Thr Tyr Ala Ala Tyr Cys Asn Val Ser Lys Tyr Tyr Pro Pro His  
340 345 350

Ser Val Arg Val Arg Trp Thr Ser Arg Phe Gly Asn Ile Gly Lys Asn  
355 360 365

Phe Ile Thr Asp Ala Ile Gln Glu Tyr Ala Asn Gly Leu Phe Ser Tyr  
370 375 380

Val Ser Ala Val Arg Ile Pro Gln Gln Lys Gln Met Asp Tyr Pro Pro  
385 390 395 400

Pro Ala Ile Gln Cys Asn Val Leu Trp Ile Arg Asp Gly Val Ser Asn  
405 410 415

Met Lys Tyr Ser Ala Val Val Thr Pro Asp Val Tyr Pro Phe Pro Asn  
420 425 430

Val Ser Ile Gly Ile Ile Asp Gly His Ile Val Cys Thr Ala Lys Cys  
435 440 445

Val Pro Arg Gly Val Val His Phe Val Trp Trp Val Asn Asp Ser Pro  
450 455 460

Ile Asn His Glu Asn Ser Glu Ile Thr Gly Val Cys Asp Gln Asn Lys  
465 470 475 480

Arg Phe Val Asn Met Gln Ser Ser Cys Pro Thr Ser Glu Leu Asp Gly  
485 490 495

Pro Ile Thr Tyr Ser Cys His Leu Asp Gly Tyr Pro Lys Lys Phe Pro  
500 505 510



Pro Phe Ser Ala Val Tyr Thr Tyr Asp Ala Ser Thr Tyr Ala Thr Thr  
           515                                  520                                  525

Phe Ser Val Val Ala Val Ile Ile Gly Val Ile Ser Ile Leu Gly Thr  
           530                                  535                                  540

Leu Gly Leu Ile Ala Val Ile Ala Thr Leu Cys Ile Arg Cys Cys Ser  
   545                                  550                                  555                                  560

<210> 74  
 <211> 396  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 74

Met Asn Glu Ala Val Ile Asp Pro Ile Leu Glu Thr Ala Val Asn Thr  
   1                                  5                                  10                                  15

Gly Asp Met Phe Cys Ser Gln Thr Ile Pro Asn Arg Cys Leu Lys Asp  
           20                                  25                                  30

Thr Ile Leu Ile Glu Val Gln Pro Glu Cys Ala Asp Thr Leu Gln Cys  
           35                                  40                                  45

Val Leu Asp Asp Lys Val Ser Arg His Gln Pro Leu Leu Leu Arg Asn  
   50                                  55                                  60

His Lys Lys Leu Glu Leu Pro Ser Glu Lys Ser Val Thr Arg Gly Gly  
   65                                  70                                  75                                  80

Phe Tyr Met Gln Gln Leu Glu Leu Leu Val Lys Ser Ala Pro Pro Asn  
           85                                  90                                  95

Glu Tyr Ala Leu Leu Leu Ile Gln Cys Lys Asp Thr Ala Leu Ala Asp  
           100                                  105                                  110

Glu Asp Asn Phe Phe Val Ala Asn Gly Val Ile Asp Ala Gly Tyr Arg

115

120

125

Gly Val Ile Ser Ala Leu Leu Tyr Tyr Arg Pro Gly Val Thr Val Ile  
130 135 140

Leu Pro Gly His Leu Thr Ile Tyr Leu Phe Pro Val Lys Leu Arg Gln  
145 150 155 160

Ser Arg Leu Leu Pro Lys Asn Val Leu Lys His Leu Asp Pro Ile Phe  
165 170 175

Lys Ser Ile Gln Val Gln Pro Leu Ser Asn Ser Pro Ser Asn Tyr Glu  
180 185 190

Lys Pro Val Ile Pro Glu Phe Ala Asp Ile Ser Thr Val Gln Gln Gly  
195 200 205

Gln Pro Leu His Arg Asp Ser Ala Glu Tyr His Ile Asp Val Pro Leu  
210 215 220

Thr Tyr Lys His Ile Ile Asn Pro Lys Arg Gln Glu Asp Ala Gly Tyr  
225 230 235 240

Asp Ile Cys Val Pro Tyr Asn Leu Tyr Leu Lys Arg Asn Glu Phe Ile  
245 250 255

Lys Ile Val Leu Pro Ile Ile Arg Asp Trp Asp Leu Gln His Pro Ser  
260 265 270

Ile Asn Ala Tyr Ile Phe Gly Arg Ser Ser Lys Ser Arg Ser Gly Ile  
275 280 285

Ile Val Cys Pro Thr Ala Trp Pro Ala Gly Glu His Cys Lys Phe Tyr  
290 295 300

Val Tyr Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile Arg Ile Lys Thr Gly Asp Arg  
305 310 315 320

Leu Ala Gln Val Leu Leu Ile Asp His Asn Thr Gln Ile His Leu Lys  
                             325                            330                            335

His Asn Val Leu Ser Asn Ile Ala Phe Pro Tyr Ala Ile Arg Gly Lys  
                             340                            345                            350

Cys Gly Ile Pro Gly Val Gln Trp Tyr Phe Thr Lys Thr Leu Asp Leu  
                             355                            360                            365

Ile Ala Thr Pro Ser Glu Arg Gly Thr Arg Gly Phe Gly Ser Thr Asp  
                             370                            375                            380

Lys Glu Thr Asn Asp Val Asp Phe Leu Leu Lys His  
                             385                            390                            395

<210> 75  
 <211> 1083  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 75

Met Asp Lys Ser Ser Lys Pro Thr Ile Arg Leu Leu Phe Ala Thr Lys  
   1                            5                            10                            15

Gly Cys Ala Ile Ser His Ser Leu Leu Leu Leu Thr Gly Gln Ile Ser  
                             20                            25                            30

Thr Glu Pro Leu Tyr Val Val Ser Tyr Thr Trp Thr Pro Asp Leu Asp  
                             35                            40                            45

Asp Val Phe Val Lys Asn Gly Arg Glu Glu Ile Thr Gln Val Ile Pro  
                             50                            55                            60

Thr Lys Arg Pro Arg Glu Val Thr Glu Asn Asp Glu Glu Asn Gln Ile  
   65                            70                            75                            80

Met His Leu Phe Cys Ser Arg Asp Val Asn Val Ile Phe Tyr Leu Ile  
                             85                            90                            95

Gly Gly Phe Ser Thr Gly Asp Val Arg Ser Arg Val Trp Pro Ile Phe  
100 105 110

Phe Cys Cys Phe Lys Thr Gln Thr Asp Phe Lys Ala Leu Tyr Lys Ala  
115 120 125

Leu Trp Tyr Gly Ala Pro Leu Asn Pro His Ile Ile Ser Asp Thr Leu  
130 135 140

Cys Ile Ser Glu Thr Phe Asp Ile His Ser Glu Val Ile Gln Thr Leu  
145 150 155 160

Met Val Thr Thr His His Leu Asn Arg Lys Gly Leu Ser Asp Asn Gly  
165 170 175

Leu Cys Ile Thr Glu Ala Thr Leu Cys Lys Leu Val Lys Lys Ser Val  
180 185 190

Gly Arg Gln Glu Leu Thr Ser Leu Tyr Ala His Tyr Glu Arg Gln Val  
195 200 205

Leu Ala Ala Tyr Arg Arg Leu Tyr Trp Gly Tyr Gly Cys Ser Pro Phe  
210 215 220

Trp Tyr Ile Val Arg Phe Gly Pro Ser Glu Lys Thr Leu Val Leu Ala  
225 230 235 240

Thr Arg Tyr Tyr Leu Leu Gln Thr Asp Thr Ser Tyr Asn Thr Leu Glu  
245 250 255

Thr Pro Leu Tyr Asp Leu Gln Ala Ile Lys Asp Leu Phe Leu Thr Tyr  
260 265 270

Gln Val Pro Ala Leu Pro Asn Cys Ser Gly Tyr Asn Ile Ser Asp Leu  
275 280 285

Leu Ser Phe Asp Lys Leu Ser Met Phe Cys Cys Ser Ser Thr Tyr Thr  
290 295 300

Arg Gly Leu Thr Ala Lys Asn Ala Leu Ser Tyr Ile Leu Gln Arg Ile  
305 310 315 320

His Thr Asp Thr Thr Glu Ile His Ala Val Ser Glu Tyr Ile Thr Asn  
325 330 335

Asp Arg Lys Gly Leu Lys Val Pro Asp Arg Glu Phe Val Asp Tyr Ile  
340 345 350

Tyr Leu Ala His Phe Glu Cys Phe Asn Arg Lys Gln Ile Ala Asp His  
355 360 365

Leu Gln Ala Val Thr Tyr Ser Asp Phe Val Asn Lys Pro Val Leu Leu  
370 375 380

Lys Ser Ser Asn Leu Gly Lys Arg Ala Thr Ala Asn Phe Phe Asn His  
385 390 395 400

Val Arg Ser Arg Leu Asn Met Arg Asp Tyr Ile Lys Lys Asn Val Ile  
405 410 415

Cys Asp Val Thr Glu Leu Gly Pro Glu Ile Gly His Lys Tyr Thr Ile  
420 425 430

Thr Lys Thr Tyr Thr Leu Ser Leu Thr Tyr Ala Ala Lys Pro Ser Lys  
435 440 445

Phe Ile Gly Val Cys Asp Leu Ala Thr Thr Leu Thr Arg Arg Val Glu  
450 455 460

Asn Ile Glu Lys Gln Phe Ser Pro Tyr Gly Trp Ser Ser Thr Ile Pro  
465 470 475 480

Ser Asn Pro Pro Gly Phe Asp Glu Leu Ser Asn Phe Glu Asp Ser Gly  
485 490 495



Val Ser Ala Glu Ala Leu Arg Ala Ala Asn Phe Ala Asn Asp Thr Pro  
500 505 510

Asn Gln Ser Gly Arg Thr Gly Phe Asp Thr Ser Pro Gly Ile Thr Lys  
515 520 525

Leu Leu Leu Phe Phe Ser Ala Ala Thr Gly Ile Ala Thr His Asp Val  
530 535 540

Ser Ile Leu Ser Tyr Lys Thr Pro Leu Glu Ala Leu Ile Gly His Ser  
545 550 555 560

Glu Val Thr Gly Pro Met Pro Val Tyr Arg Val Ala Leu Pro His Gly  
565 570 575

Ala Gln Ala Phe Ala Val Ile Ala Asn Asp Thr Trp Ser Ser Ile Thr  
580 585 590

Asn Arg Tyr Thr Leu Pro His Glu Ala Arg Leu Ile Ala Glu Asp Leu  
595 600 605

Lys Gln Ile Asn Pro Cys Asn Phe Val Ala Ala Ser Leu Arg Asp Met  
610 615 620

Gln Leu Thr Leu Leu Leu Ser Thr Ser Val Lys Asn Val Ser Lys Ile  
625 630 635 640

Ser Ser Asn Ile Pro Lys Asp Gln Leu Tyr Ile Asn Arg Asn Glu Leu  
645 650 655

Phe Asn Thr Asn Leu Ile Ile Thr Asn Leu Ile Leu Asp Val Asp Phe  
660 665 670

His Ile Arg Lys Pro Ile Pro Leu Gly Ile Leu His Ala Gly Met Arg  
675 680 685

Ala Phe Arg His Gly Ile Leu Thr Ala Met Gln Leu Leu Phe Pro Lys  
690 695 700

Ala Val Val Asn Pro Asn Lys Asp Pro Cys Tyr Phe Tyr Lys Thr Ala  
705 710 715 720

Cys Pro Glu Pro Thr Val Glu Val Leu Asp Asp Asp Asn Leu Leu Asp  
725 730 735

Ile Thr Ser His Ser Asp Ile Asp Phe Tyr Ile Glu Asn Gly Glu Leu  
740 745 750

Tyr Thr Cys Val Glu Glu Asn Tyr Thr Glu Asp Val Trp Phe Phe Asp  
755 760 765

Thr Gln Thr Thr Ser Glu Val His Thr His Ala Asp Val Ser Asn Asn  
770 775 780

Glu Asn Leu His Glu Thr Leu Pro Cys Asn Cys Lys Glu Lys Ile Gly  
785 790 795 800

Phe Arg Val Cys Val Pro Ile Pro Asn Pro Tyr Ala Leu Val Gly Ser  
805 810 815

Ser Thr Leu Lys Gly Phe Ala Gln Ile Leu Gln Gln Ala Val Leu Leu  
820 825 830

Glu Arg Glu Phe Val Glu Tyr Ile Gly Pro Tyr Leu Arg Asp Phe Ser  
835 840 845

Phe Ile Asp Thr Gly Val Tyr Ser His Gly His Ser Leu Arg Leu Pro  
850 855 860

Phe Phe Ser Lys Val Thr Thr Thr Gly Thr Ala Val Gly Gln Leu Leu  
865 870 875 880

Pro Phe Tyr Val Val Pro Glu Gln Cys Ile Asp Ile Leu Ala Phe Val  
885 890 895

Thr Ser His Arg Asn Pro Ala Asn Phe His Phe His Ser Arg Pro Gln  
900 905 910

Ser Asn Val Pro Val Gln Phe Ile Leu His Asn Leu Gly Gly Glu Tyr  
915 920 925

Ala Glu Phe Phe Glu Arg Lys Val Ala Arg Asn Lys Gln Ile Phe Ser  
930 935 940

Ser Pro Gln Ile Ser Leu Thr Lys Ala Leu Lys Glu Arg Gly Val Thr  
945 950 955 960

Cys Leu Asp Ala Phe Thr Leu Glu Ala Phe Val Asp Ser Thr Ile Leu  
965 970 975

Glu Ser Ile Val Glu His Ile Ala Val His Phe Pro Gly Arg Asp Arg  
980 985 990

Glu Tyr Thr Leu Thr Ser Ser Lys Cys Ile Ala Ile Lys Arg Asp Trp  
995 1000 1005

Val Leu Phe Gln Leu Ile Cys Gly Thr Lys Gly Phe Thr Cys Leu  
1010 1015 1020

Arg Tyr Pro His Arg Gly Gly Arg Thr Ala Pro Arg Thr Phe Val  
1025 1030 1035

Ser Leu Arg Val Asp His His Asn Arg Leu Cys Ile Ser Leu Ala  
1040 1045 1050

Gln Gln Cys Phe Ala Thr Lys Cys Asp Ser Asn Arg Met His Thr  
1055 1060 1065

Ile Phe Thr Leu Glu Val Pro Asn Tyr Pro Asn Leu Thr Ser Ser  
1070 1075 1080

<210> 76  
<211> 340  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 76

Met Gln Ala Leu Gly Ile Lys Thr Glu His Phe Ile Ile Met Cys Leu  
1 5 10 15

Leu Ser Gly His Ala Val Phe Thr Leu Trp Tyr Thr Ala Arg Val Lys  
20 25 30

Phe Glu His Glu Cys Val Tyr Ala Thr Thr Val Ile Asn Gly Gly Pro  
35 40 45

Val Val Trp Gly Ser Tyr Asn Asn Ser Leu Ile Tyr Val Thr Phe Val  
50 55 60

Asn His Ser Thr Phe Leu Asp Gly Leu Ser Gly Tyr Asp Tyr Ser Cys  
65 70 75 80

Arg Glu Asn Leu Leu Ser Gly Asp Thr Met Val Lys Thr Ala Ile Ser  
85 90 95

Thr Pro Leu His Asp Lys Ile Arg Ile Val Leu Gly Thr Arg Asn Cys  
100 105 110

His Ala Tyr Phe Trp Cys Val Gln Leu Lys Met Ile Phe Phe Ala Trp  
115 120 125

Phe Val Tyr Gly Met Tyr Leu Gln Phe Arg Arg Ile Arg Arg Met Phe  
130 135 140

Gly Pro Phe Arg Ser Ser Cys Glu Leu Ile Ser Pro Thr Ser Tyr Ser  
145 150 155 160

Leu Asn Tyr Val Thr Arg Val Ile Ser Asn Ile Leu Leu Gly Tyr Pro  
165 170 175

Tyr Thr Lys Leu Ala Arg Leu Leu Cys Asp Val Ser Met Arg Arg Asp  
180 185 190

Gly Met Ser Lys Val Phe Asn Ala Asp Pro Ile Ser Phe Leu Tyr Met  
195 200 205

His Lys Gly Val Thr Leu Leu Met Leu Leu Glu Val Ile Ala His Ile  
210 215 220

Ser Ser Gly Cys Ile Val Leu Leu Thr Leu Gly Val Ala Tyr Thr Pro  
225 230 235 240

Cys Ala Leu Leu Tyr Pro Thr Tyr Ile Arg Ile Leu Ala Trp Val Val  
245 250 255

Val Cys Thr Leu Ala Ile Val Glu Leu Ile Ser Tyr Val Arg Pro Lys  
260 265 270

Pro Thr Lys Asp Asn His Leu Asn His Ile Asn Thr Gly Gly Ile Arg  
275 280 285

Gly Ile Cys Thr Thr Cys Cys Ala Thr Val Met Ser Gly Leu Ala Ile  
290 295 300

Lys Cys Phe Tyr Ile Val Ile Phe Ala Ile Ala Val Val Ile Phe Met  
305 310 315 320

His Tyr Glu Gln Arg Val Gln Val Ser Leu Phe Gly Glu Ser Glu Asn  
325 330 335

Ser Gln Lys His  
340

<210> 77  
<211> 452  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster



&lt;400&gt; 77

Met Ala Ser Ala Ser Ile Pro Thr Asp Pro Asp Val Ser Thr Ile Cys  
1 5 10 15

Glu Asp Phe Met Asn Leu Leu Pro Asp Glu Pro Ser Asp Asp Phe Ala  
20 25 30

Leu Glu Val Thr Asp Trp Ala Asn Asp Glu Ala Ile Gly Ser Thr Pro  
35 40 45

Gly Glu Asp Ser Thr Thr Ser Arg Thr Val Tyr Val Glu Arg Thr Ala  
50 55 60

Asp Thr Ala Tyr Asn Pro Arg Tyr Ser Lys Arg Arg His Gly Arg Arg  
65 70 75 80

Glu Ser Tyr His His Asn Arg Pro Lys Thr Leu Val Val Val Leu Pro  
85 90 95

Asp Ser Asn His His Gly Gly Arg Asp Val Glu Thr Gly Tyr Ala Arg  
100 105 110

Ile Glu Arg Gly His Arg Arg Ser Ser Arg Ser Tyr Asn Thr Gln Ser  
115 120 125

Ser Arg Lys His Arg Asp Arg Ser Leu Ser Asn Arg Arg Arg Arg Pro  
130 135 140

Thr Thr Pro Pro Ala Met Thr Thr Gly Glu Arg Asn Asp Gln Thr His  
145 150 155 160

Asp Glu Ser Tyr Arg Leu Arg Phe Ser Lys Arg Asp Ala Arg Arg Glu  
165 170 175

Arg Ile Arg Lys Glu Tyr Asp Ile Pro Val Asp Arg Ile Thr Gly Arg  
180 185 190

Ala Ile Glu Val Val Ser Thr Ala Gly Ala Ser Val Thr Ile Asp Ser  
195 200 205

Val Arg His Leu Asp Glu Thr Ile Glu Lys Leu Val Val Arg Tyr Ala  
210 215 220

Thr Ile Gln Glu Gly Asp Ser Trp Ala Ser Gly Gly Cys Phe Pro Gly  
225 230 235 240

Ile Lys Gln Asn Thr Ser Trp Pro Glu Leu Met Leu Tyr Gly His Glu  
245 250 255

Leu Tyr Arg Thr Phe Glu Ser Tyr Lys Met Asp Ser Arg Ile Ala Arg  
260 265 270

Ala Leu Arg Glu Arg Val Ile Arg Gly Glu Ser Leu Ile Glu Ala Leu  
275 280 285

Glu Ser Ala Asp Glu Leu Leu Thr Trp Ile Lys Met Leu Ala Ala Lys  
290 295 300

Asn Leu Pro Ile Tyr Thr Asn Asn Pro Ile Val Ala Thr Ser Lys Ser  
305 310 315 320

Leu Leu Glu Asn Leu Lys Leu Lys Leu Gly Pro Phe Val Arg Cys Leu  
325 330 335

Leu Leu Asn Arg Asp Asn Asp Leu Gly Ser Arg Thr Leu Pro Glu Leu  
340 345 350

Leu Arg Gln Gln Arg Phe Ser Asp Ile Thr Cys Ile Thr Thr Tyr Met  
355 360 365

Phe Val Met Ile Ala Arg Ile Ala Asn Ile Val Val Arg Gly Ser Lys  
370 375 380

Phe Val Glu Tyr Asp Asp Ile Ser Cys Asn Val Gln Val Leu Gln Glu  
385 390 395 400

Tyr Thr Pro Gly Ser Cys Leu Ala Gly Val Leu Glu Ala Leu Ile Thr  
 405 410 415

His Gln Arg Glu Cys Gly Arg Val Glu Cys Thr Leu Ser Thr Trp Ala  
 420 425 430

Gly His Leu Ser Asp Ala Arg Pro Tyr Gly Lys Tyr Phe Lys Cys Ser  
 435 440 445

Thr Phe Asn Cys  
 450

<210> 78  
 <211> 179  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 78

Met Asp Thr Thr Gly Ala Ser Glu Ser Ser Gln Pro Ile Arg Val Asn  
 1 5 10 15

Leu Lys Pro Asp Pro Leu Ala Ser Phe Thr Gln Val Ile Pro Pro Leu  
 20 25 30

Ala Leu Glu Thr Thr Trp Thr Cys Pro Ala Asn Ser His Ala Pro Thr  
 35 40 45

Pro Ser Pro Leu Tyr Gly Val Lys Arg Leu Cys Ala Leu Arg Ala Thr  
 50 55 60

Cys Gly Arg Ala Asp Asp Leu His Ala Phe Leu Ile Gly Leu Gly Arg  
 65 70 75 80

Arg Asp Lys Pro Ser Glu Ser Pro Met Tyr Val Asp Leu Gln Pro Phe  
 85 90 95

Cys Ser Leu Leu Asn Ser Gln Arg Leu Leu Pro Glu Met Ala Asn Tyr

100

105

110

Asn Thr Leu Cys Asp Ala Pro Phe Ser Ala Ala Thr Gln Gln Met Met  
 115 120 125

Leu Glu Ser Gly Gln Leu Gly Val His Leu Ala Ala Ile Gly Tyr His  
 130 135 140

Cys His Cys Lys Ser Pro Phe Ser Ala Glu Cys Trp Thr Gly Ala Ser  
 145 150 155 160

Glu Ala Tyr Asp His Val Val Cys Gly Gly Lys Ala Arg Ala Ala Val  
 165 170 175

Gly Gly Leu

<210> 79

<211> 108

<212> PRT

<213> Varicella zoster

<400> 79

Met Ser Arg Val Ser Glu Tyr Gly Val Pro Glu Gly Val Arg Glu Ser  
 1 5 10 15

Asp Ser Asp Thr Asp Ser Val Phe Met Tyr Gln His Thr Glu Leu Met  
 20 25 30

Gln Asn Asn Ala Ser Pro Leu Val Val Gln Thr Arg Pro Pro Ala Val  
 35 40 45

Leu Ile Pro Leu Val Asp Val Pro Arg Pro Arg Ser Arg Arg Lys Ala  
 50 55 60

Ser Ala Gln Leu Lys Met Gln Met Asp Arg Leu Cys Asn Val Leu Gly  
 65 70 75 80

Val Val Leu Gln Met Ala Thr Leu Ala Leu Val Thr Tyr Ile Ala Phe  
                   85                                  90                                  95

Val Val His Thr Arg Ala Thr Ser Cys Lys Arg Glu  
                   100                                  105

<210> 80  
 <211> 5743  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(1056)

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (4556)..(5740)

<400> 80  
 atg tca ttg ata atg ttt ggt cgt acg ctt ggt gaa gaa tct gta aga 48  
 Met Ser Leu Ile Met Phe Gly Arg Thr Leu Gly Glu Glu Ser Val Arg  
 1                  5                                  10                                  15

tat ttt gaa cgt cta aag cgt cgt agg gat gaa cgc ttt ggg acg ttg 96  
 Tyr Phe Glu Arg Leu Lys Arg Arg Asp Glu Arg Phe Gly Thr Leu  
                   20                                  25                                  30

gag tcc cct acc ccg tgt tcc acg cgg caa ggg tct ctg gga aac gca 144  
 Glu Ser Pro Thr Pro Cys Ser Thr Arg Gln Gly Ser Leu Gly Asn Ala  
                   35                                  40                                  45

acc caa atc ccg ttt ctg aat ttt gct ata gat gta acc cga cgt cat 192  
 Thr Gln Ile Pro Phe Leu Asn Phe Ala Ile Asp Val Thr Arg Arg His  
                   50                                  55                                  60

cag gcc gtt att ccc gga att gga acg ctt cac aac tgt tgt gaa tat 240  
 Gln Ala Val Ile Pro Gly Ile Gly Thr Leu His Asn Cys Cys Glu Tyr  
 65                                  70                                  75                                  80

att cca ctg ttc tcg gct act gct cga cgg gca atg ttt ggc gcg ttt 288  
 Ile Pro Leu Phe Ser Ala Thr Ala Arg Arg Ala Met Phe Gly Ala Phe  
                   85                                  90                                  95

cta tcg tca aca ggg tac aac tgt acc ccc aat gta gtt ttg aaa cca 336  
 Leu Ser Ser Thr Gly Tyr Asn Cys Thr Pro Asn Val Val Leu Lys Pro  
                   100                                  105                                  110



tgg cga tat tcg gta aat gca aac gta agc cct gaa tta aaa aag gct Trp Arg Tyr Ser Val Asn Ala Asn Val Ser Pro Glu Leu Lys Lys Ala 115 120 125	384
gtc agt agt gta cag ttt tat gaa tat tca ccg gaa gaa gca gca cct Val Ser Ser Val Gln Phe Tyr Glu Tyr Ser Pro Glu Glu Ala Ala Pro 130 135 140	432
cat cga aat gcg tat agc ggt gtt atg aac aca ttt cgc gcg ttt tct His Arg Asn Ala Tyr Ser Gly Val Met Asn Thr Phe Arg Ala Phe Ser 145 150 155 160	480
ctg tcg gat agt ttc tgt cag ttg tct acc ttt aca caa cgg ttt tcg Leu Ser Asp Ser Phe Cys Gln Leu Ser Thr Phe Thr Gln Arg Phe Ser 165 170 175	528
tac ctt gtg gaa aca tct ttt gag agt att gaa gag tgt gga agt cat Tyr Leu Val Glu Thr Ser Phe Glu Ser Ile Glu Glu Cys Gly Ser His 180 185 190	576
ggc aaa cgc gca aag gtt gac gtt cca atc tat ggc aga tat aag ggg Gly Lys Arg Ala Lys Val Asp Val Pro Ile Tyr Gly Arg Tyr Lys Gly 195 200 205	624
acg ttg gaa ctg ttt caa aaa atg atc ctc atg cac acc acg cat ttt Thr Leu Glu Leu Phe Gln Lys Met Ile Leu Met His Thr Thr His Phe 210 215 220	672
att tca tcg gtg cta ttg ggc gat cat gcc gac aga gtt gac tgc ttt Ile Ser Ser Val Leu Leu Gly Asp His Ala Asp Arg Val Asp Cys Phe 225 230 235 240	720
ctg cgt aca gtg ttt aac acg cca agt gtt tct gac agt gtt tta gaa Leu Arg Thr Val Phe Asn Thr Pro Ser Val Ser Asp Ser Val Leu Glu 245 250 255	768
cac ttc aaa caa aaa tca act gtg ttt ttg gta cca cgt aga cat ggg His Phe Lys Gln Lys Ser Thr Val Phe Leu Val Pro Arg Arg His Gly 260 265 270	816
aaa aca tgg ttt ctt gta cca tta ata gct tta gta atg gcc acg ttt Lys Thr Trp Phe Leu Val Pro Leu Ile Ala Leu Val Met Ala Thr Phe 275 280 285	864
aga gga att aaa gtg ggt tat acg gct cat ata cgc aaa gca acg gaa Arg Gly Ile Lys Val Gly Tyr Thr Ala His Ile Arg Lys Ala Thr Glu 290 295 300	912
ccc gtg ttt gag ggt atc aag tct cgc ctg gaa cag tgg ttt ggg gca	960

Pro Val Phe Glu Gly Ile Lys Ser Arg Leu Glu Gln Trp Phe Gly Ala	
305 310 315 320	
aat tac gtg gat cat gta aaa ggc gaa tct att acg ttt tca ttt acc	1008
Asn Tyr Val Asp His Val Lys Gly Glu Ser Ile Thr Phe Ser Phe Thr	
325 330 335	
gac ggg tct tac agc aca gcg gtg ttc gcg tca agt cac aac aca aac	1056
Asp Gly Ser Tyr Ser Thr Ala Val Phe Ala Ser Ser His Asn Thr Asn	
340 345 350	
gtgagtgttt tataaattta acctttaata tattactgta aatgttgaca tatacctttc	1116
cacaacggcg gttgagttaa ggtatactag gtgggtgtag gttccggttc acccgataat	1176
ctttgtgtct cggggaagca aattcgctga agcagaccac agccgttaat aatagcccgg	1236
cttaatgttt ctccaaacat ataaagctgc caccagatg aatttactgg tacagagaga	1296
ccactggcgt tggttcccgc tataacgtcg ccaagatttg cggtaatgcg aggattttta	1356
gtactcgtaa ttcgaatgca ggtgggtgaca tctacaaaaa gaacctgcgt ggcgccaatg	1416
tctacctcca cttttaattc ccgctgaccg gccttttctc acatacacgg agcccaacac	1476
acacaacctt ccgcatgatt tgtgacatgg ggtaacgcat acagtgcccc cacgtgaact	1536
ctatgattac attcatcaca tccgtccgca tggctgagga gtcgatttaa tacagagcca	1596
agtatccgag catgccatcc ggcgggacat agccctatta aattagggtc catagccagt	1656
acataataac gccttcgttc gtctgaccac cacactcccg gagaaataac ttacatgcg	1716
tatggatttt tcggaagccg cgggggttgt aagtagttgc ttaagtttgg cgttggtgta	1776
agatctgcgg ggggtgggatc tgctcgagga tccggaatag atgttggaag ggggtacgcg	1836
atcgggttct taaacgttgc tccaaaaaca tggctctatgt tttcaaccgg ataaattctt	1896
aaagtcgccg tcattgcgta cgagacctcg taattaaaat ttacaattac atgaaaagtc	1956
ttcggaggta agttcatctg acgtgggcgc gtgatgtaaa ttgtggctac aacaacggca	2016
atattagtag tatccgtttg aagggggata aacggagcga tccttaaagt tataaaagca	2076
gttgatcgca ttattttcac ccgggggatcg gtcaggatgg acttccataa tcccatatcc	2136
agcgtaaag catcgagag tctctgaact gcctcggggg ttaatttgcg cgctgcaccc	2196
gtagcggtgt acagcggaaa tatgcgttgt aattccatga gcagaaaaac agtctagcgg	2256

attgccgccc ggggtacttgt gggttttaatg ccacccaccc ggttatttta tattttaaga 2316  
gggggtggaa acgggagaaa tgacgtaaaa ttacatatga agagattctg gtgttatgtt 2376  
tttatagtga cactaattta tttatggggg ttgggaatag agaagcagaa tctgtctaga 2436  
ataggtccga ttaacgatgc aggtagtgtt gcctgtaggg tatcggtaat acaaaaacat 2496  
gccgcaaata cccccggtaa aactaaaatg gattgtaatt gctgggttaa tcctagacaa 2556  
atgtacgcgt aacattgacc gggtaaatac ttagaacaaa ttccaatac aacaatatcc 2616  
gcgctgcgta taaatttacc cctcagttgt gtggaattac caataccaac cttttctaag 2676  
gctacgggaa cggggacctt ggaaagctta agtatttccc ctctgaatt ataatagtca 2736  
aataaatata tagaacgatt acctaaccag catgggaagg aagcgtgaag gtagggata 2796  
tccccccac cttgtggctg tgtatataca gatgacagat acgcaaaac cgcatacatc 2856  
aaggagctgt tataaaacgc atccattgac atttccgtta acaccgaaac tatagtctga 2916  
atcaggtctg gtgtgcgggc tacaatttca tcaataaccg tttgggaaga atctgcaata 2976  
tcatattcca tgagttgttg tagagtcggg ttcgtttgta actccgttat aagaccttgg 3036  
gttagcgatg tcacacacgc ttgtttaaat acctggttta aaaacatttc ggcgcctggt 3096  
ttaaaggcgg gtaaggggggt ttgattatth aggacgttag ccaaaaacgg taaacgcgcg 3156  
actagctctt ggcgagctgt cacatgtagg ctttggggat tgtcaacccg ggcatttata 3216  
cacgcagcat caataatagc ctgtgcagag tgatataaaa ttggacttcc ggtaatacgt 3276  
cctccccagg cagaggatcc gttgtaagat actacaatca acggactggg ggattctgcg 3336  
taatgtcgcg gtacaattga taggggacgc cgtttccaga aatctgctgg agtgtccccg 3396  
ctaactaatt gggcataaca gatgtcgaa cattccataa gactttgggg ttctgtcgaa 3456  
gctggggtaa acaatagaac gtcttgtaaa ggtgggatgc tggcggacga attgtttttc 3516  
tttcccgtaa atcgcccttg tccaggcggc tcaaggacgc catcaaagga accgttattg 3576  
atcggatctg tggtggaagt ttgcgctccg tggccctttg cactttgaag caaccagat 3636  
gcaacgcggg aactagaagg tcggacgggg tgccctggagt taacaatgtt tacggcccgt 3696  
tttattagct caaggacgtc ccgattatth tcctgtatgc gtgtttcagc aggggagtca 3756

tcaatacctc cagaagttaa ctgtcgatca agatcgatta tggatgaaac ggggtccaata 3816  
 ttgtcccat ttgacgtgtg tgattcaccc atggctgcca ccatatgctc tgcgtatatt 3876  
 tttatagacg atgcaagacg aggggtgcat cggatatacg caatcagctg tttgcataat 3936  
 aaaagtaccc gttgtccatc agcaaaataa cgcgttccgt ttgggattag ttctgcatac 3996  
 ataatacaaa tatcacggtg cttgcggttt ccagtattta ttcgtatcgc tacaacgtta 4056  
 aatgcatcaa agaataaacc ggggctaaga taaacaggca atgataaaat caatccccct 4116  
 gaattatgcg tggccgaaaa aacgtgtgaa acaaattggtt ccgttttttg tattaagaga 4176  
 tttgttaagg cgttatcggg aatgtacgcg gcgaaaactt gacaccacgg ttcgcattga 4236  
 cctgtagcat gatatttgt ttgtacttca acctgaagc gttgtccggg tttcttttaa 4296  
 atcagtaatg cgggatctat tccggccgca ataagccccg cgtaggtat cacaacgtgt 4356  
 agtaatcctt ttgtgtgatc attatgccaa agtgcattgt tggtttcatt tgccaaatgg 4416  
 gcttccatta tacaccggat atggttgtac tggaaaaaaa aaagaaatat gtacgtattc 4476  
 aaacattttt tacgtacgtg gtatttaagg atacatttaa actttggtgg ggtaactata 4536  
 tatctttcta tcgttccag ggt atc cga ggt caa gat ttt aat ctt ctg ttt 4588  
    Gly Ile Arg Gly Gln Asp Phe Asn Leu Leu Phe  
    355   360  
 gtg gat gaa gct aat ttt att cga cct gat gct gta caa act ata gtc 4636  
 Val Asp Glu Ala Asn Phe Ile Arg Pro Asp Ala Val Gln Thr Ile Val  
    365   370   375  
 gga ttt tta aat caa acc aat tgt aaa att att ttt gtt tca tca aca 4684  
 Gly Phe Leu Asn Gln Thr Asn Cys Lys Ile Ile Phe Val Ser Ser Thr  
 380   385   390   395  
 aat acc gga aaa gca agt aca agt ttt ttg tat aac tta cgt gga tcg 4732  
 Asn Thr Gly Lys Ala Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Asn Leu Arg Gly Ser  
    400   405   410  
 tcg gat cag ttg tta aac gtt gtt aca tat gta tgc gac gat cac atg 4780  
 Ser Asp Gln Leu Leu Asn Val Val Thr Tyr Val Cys Asp Asp His Met  
    415   420   425  
 ccg cgt gtt tta gca cat agc gat gtc aca gct tgt tcg tgt tat gta 4828  
 Pro Arg Val Leu Ala His Ser Asp Val Thr Ala Cys Ser Cys Tyr Val  
    430   435   440

tta aat aag ccg gtt ttc atc aca atg gat gga gcc atg cgg cgc act Leu Asn Lys Pro Val Phe Ile Thr Met Asp Gly Ala Met Arg Arg Thr 445 450 455	4876
gca gat tta ttt atg gcc gac tcc ttc gtg cag gaa att gta ggt ggg Ala Asp Leu Phe Met Ala Asp Ser Phe Val Gln Glu Ile Val Gly Gly 460 465 470 475	4924
cgt aaa cag aat tct ggg ggt gtg ggg ttt gac cgg cca tta ttt aca Arg Lys Gln Asn Ser Gly Gly Val Gly Phe Asp Arg Pro Leu Phe Thr 480 485 490	4972
aaa act gcc cgt gag agg ttt att tta tat cgg ccg tca acc gtt gcg Lys Thr Ala Arg Glu Arg Phe Ile Leu Tyr Arg Pro Ser Thr Val Ala 495 500 505	5020
aat tgt gct ata tta tcg tca gtg ttg tac gtt tac gta gac cct gca Asn Cys Ala Ile Leu Ser Ser Val Leu Tyr Val Tyr Val Asp Pro Ala 510 515 520	5068
ttt acc tca aat aca cga gcg tct ggt act ggt gta gcg att gtt ggt Phe Thr Ser Asn Thr Arg Ala Ser Gly Thr Gly Val Ala Ile Val Gly 525 530 535	5116
cgt tat aag tcg gat tgg att ata ttt gga ttg gag cac ttt ttt ctt Arg Tyr Lys Ser Asp Trp Ile Ile Phe Gly Leu Glu His Phe Phe Leu 540 545 550 555	5164
aga gct tta act ggc acg tct tcc agt gag ata ggg cgt tgc gtt act Arg Ala Leu Thr Gly Thr Ser Ser Ser Glu Ile Gly Arg Cys Val Thr 560 565 570	5212
caa tgc tta ggc cac ata ctc gct tta cac ccc aat aca ttt aca aac Gln Cys Leu Gly His Ile Leu Ala Leu His Pro Asn Thr Phe Thr Asn 575 580 585	5260
gta cac gtt tct ata gag gga aac agc agc cag gat tct gca gtt gcc Val His Val Ser Ile Glu Gly Asn Ser Ser Gln Asp Ser Ala Val Ala 590 595 600	5308
ata tcg ttg gct ata gca caa cag ttt gct gtc ctc gaa aag gga aac Ile Ser Leu Ala Ile Ala Gln Gln Phe Ala Val Leu Glu Lys Gly Asn 605 610 615	5356
gtg cta tct tcc gct cca gtg tta ctg ttt tat cat tcc ata cct ccc Val Leu Ser Ser Ala Pro Val Leu Leu Phe Tyr His Ser Ile Pro Pro 620 625 630 635	5404
gga tgt agc gtg gcg tac cct ttt ttt tta tta caa aaa caa aaa acg	5452



Gly	Cys	Ser	Val	Ala	Tyr	Pro	Phe	Phe	Leu	Leu	Gln	Lys	Gln	Lys	Thr	
				640					645					650		
ccg	gcc	gta	gac	tat	ttt	gtt	aaa	cga	ttt	aac	tcc	gga	aat	ata	ata	5500
Pro	Ala	Val	Asp	Tyr	Phe	Val	Lys	Arg	Phe	Asn	Ser	Gly	Asn	Ile	Ile	
			655					660					665			
gcc	tca	cag	gag	ctt	gta	tcc	cta	aca	gta	aag	tta	ggt	gta	gac	ccc	5548
Ala	Ser	Gln	Glu	Leu	Val	Ser	Leu	Thr	Val	Lys	Leu	Gly	Val	Asp	Pro	
		670					675					680				
gtg	gag	tat	cta	tgt	aaa	cag	ttg	gat	aac	ctg	aca	gag	gta	att	aaa	5596
Val	Glu	Tyr	Leu	Cys	Lys	Gln	Leu	Asp	Asn	Leu	Thr	Glu	Val	Ile	Lys	
	685					690					695					
ggc	ggt	atg	ggt	aat	cta	gac	aca	aaa	act	tac	acg	ggt	aaa	ggt	acc	5644
Gly	Gly	Met	Gly	Asn	Leu	Asp	Thr	Lys	Thr	Tyr	Thr	Gly	Lys	Gly	Thr	
700					705				710						715	
acg	gga	aca	atg	tca	gat	gat	ctg	atg	gtt	gca	tta	att	atg	tcc	gtg	5692
Thr	Gly	Thr	Met	Ser	Asp	Asp	Leu	Met	Val	Ala	Leu	Ile	Met	Ser	Val	
				720					725					730		
tat	att	ggc	agt	tca	tgt	ata	ccg	gat	tcc	gtg	ttt	atg	cct	att	aaa	5740
Tyr	Ile	Gly	Ser	Ser	Cys	Ile	Pro	Asp	Ser	Val	Phe	Met	Pro	Ile	Lys	
			735					740					745			
taa																5743

<210> 81  
 <211> 747  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 81

Met	Ser	Leu	Ile	Met	Phe	Gly	Arg	Thr	Leu	Gly	Glu	Glu	Ser	Val	Arg
1				5					10					15	

Tyr	Phe	Glu	Arg	Leu	Lys	Arg	Arg	Arg	Asp	Glu	Arg	Phe	Gly	Thr	Leu
			20					25					30		

Glu	Ser	Pro	Thr	Pro	Cys	Ser	Thr	Arg	Gln	Gly	Ser	Leu	Gly	Asn	Ala
		35					40					45			

Thr	Gln	Ile	Pro	Phe	Leu	Asn	Phe	Ala	Ile	Asp	Val	Thr	Arg	Arg	His
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

50

55

60

Gln Ala Val Ile Pro Gly Ile Gly Thr Leu His Asn Cys Cys Glu Tyr  
65 70 75 80

Ile Pro Leu Phe Ser Ala Thr Ala Arg Arg Ala Met Phe Gly Ala Phe  
85 90 95

Leu Ser Ser Thr Gly Tyr Asn Cys Thr Pro Asn Val Val Leu Lys Pro  
100 105 110

Trp Arg Tyr Ser Val Asn Ala Asn Val Ser Pro Glu Leu Lys Lys Ala  
115 120 125

Val Ser Ser Val Gln Phe Tyr Glu Tyr Ser Pro Glu Glu Ala Ala Pro  
130 135 140

His Arg Asn Ala Tyr Ser Gly Val Met Asn Thr Phe Arg Ala Phe Ser  
145 150 155 160

Leu Ser Asp Ser Phe Cys Gln Leu Ser Thr Phe Thr Gln Arg Phe Ser  
165 170 175

Tyr Leu Val Glu Thr Ser Phe Glu Ser Ile Glu Glu Cys Gly Ser His  
180 185 190

Gly Lys Arg Ala Lys Val Asp Val Pro Ile Tyr Gly Arg Tyr Lys Gly  
195 200 205

Thr Leu Glu Leu Phe Gln Lys Met Ile Leu Met His Thr Thr His Phe  
210 215 220

Ile Ser Ser Val Leu Leu Gly Asp His Ala Asp Arg Val Asp Cys Phe  
225 230 235 240

Leu Arg Thr Val Phe Asn Thr Pro Ser Val Ser Asp Ser Val Leu Glu  
245 250 255

His Phe Lys Gln Lys Ser Thr Val Phe Leu Val Pro Arg Arg His Gly  
260 265 270

Lys Thr Trp Phe Leu Val Pro Leu Ile Ala Leu Val Met Ala Thr Phe  
275 280 285

Arg Gly Ile Lys Val Gly Tyr Thr Ala His Ile Arg Lys Ala Thr Glu  
290 295 300

Pro Val Phe Glu Gly Ile Lys Ser Arg Leu Glu Gln Trp Phe Gly Ala  
305 310 315 320

Asn Tyr Val Asp His Val Lys Gly Glu Ser Ile Thr Phe Ser Phe Thr  
325 330 335

Asp Gly Ser Tyr Ser Thr Ala Val Phe Ala Ser Ser His Asn Thr Asn  
340 345 350

Gly Ile Arg Gly Gln Asp Phe Asn Leu Leu Phe Val Asp Glu Ala Asn  
355 360 365

Phe Ile Arg Pro Asp Ala Val Gln Thr Ile Val Gly Phe Leu Asn Gln  
370 375 380

Thr Asn Cys Lys Ile Ile Phe Val Ser Ser Thr Asn Thr Gly Lys Ala  
385 390 395 400

Ser Thr Ser Phe Leu Tyr Asn Leu Arg Gly Ser Ser Asp Gln Leu Leu  
405 410 415

Asn Val Val Thr Tyr Val Cys Asp Asp His Met Pro Arg Val Leu Ala  
420 425 430

His Ser Asp Val Thr Ala Cys Ser Cys Tyr Val Leu Asn Lys Pro Val  
435 440 445

Phe Ile Thr Met Asp Gly Ala Met Arg Arg Thr Ala Asp Leu Phe Met

450

455

460

Ala Asp Ser Phe Val Gln Glu Ile Val Gly Gly Arg Lys Gln Asn Ser  
465 470 475 480

Gly Gly Val Gly Phe Asp Arg Pro Leu Phe Thr Lys Thr Ala Arg Glu  
485 490 495

Arg Phe Ile Leu Tyr Arg Pro Ser Thr Val Ala Asn Cys Ala Ile Leu  
500 505 510

Ser Ser Val Leu Tyr Val Tyr Val Asp Pro Ala Phe Thr Ser Asn Thr  
515 520 525

Arg Ala Ser Gly Thr Gly Val Ala Ile Val Gly Arg Tyr Lys Ser Asp  
530 535 540

Trp Ile Ile Phe Gly Leu Glu His Phe Phe Leu Arg Ala Leu Thr Gly  
545 550 555 560

Thr Ser Ser Ser Glu Ile Gly Arg Cys Val Thr Gln Cys Leu Gly His  
565 570 575

Ile Leu Ala Leu His Pro Asn Thr Phe Thr Asn Val His Val Ser Ile  
580 585 590

Glu Gly Asn Ser Ser Gln Asp Ser Ala Val Ala Ile Ser Leu Ala Ile  
595 600 605

Ala Gln Gln Phe Ala Val Leu Glu Lys Gly Asn Val Leu Ser Ser Ala  
610 615 620

Pro Val Leu Leu Phe Tyr His Ser Ile Pro Pro Gly Cys Ser Val Ala  
625 630 635 640

Tyr Pro Phe Phe Leu Leu Gln Lys Gln Lys Thr Pro Ala Val Asp Tyr  
645 650 655





50	55	60	
ggg atc cct tgt ttt tat gct gcc gta gtt gat tat gag tta ttt aac Gly Ile Pro Cys Phe Tyr Ala Ala Val Val Asp Tyr Glu Leu Phe Asn 65 70 75 80	240		
gcc acc cta gat ggg ggg gta tgg tcc gga aat aga ggt gga tac agc Ala Thr Leu Asp Gly Gly Val Trp Ser Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Ser 85 90 95	288		
gcc ccg gtt ttg ttt ttg gaa cca cat agc gtt gtg gca ttt act tac Ala Pro Val Leu Phe Leu Glu Pro His Ser Val Val Ala Phe Thr Tyr 100 105 110	336		
tac acg gct tta acg gca atg gcc atg gcg gta tat aca ctg atc acg Tyr Thr Ala Leu Thr Ala Met Ala Met Ala Val Tyr Thr Leu Ile Thr 115 120 125	384		
gcc gcg att ata cac cga gaa acg aaa aat caa cgt gtc cgg caa agc Ala Ala Ile Ile His Arg Glu Thr Lys Asn Gln Arg Val Arg Gln Ser 130 135 140	432		
tcc ggt gtt gca tgg tta gtt gta gat ccc aca aca ctt ttt tgg ggt Ser Gly Val Ala Trp Leu Val Val Asp Pro Thr Thr Leu Phe Trp Gly 145 150 155 160	480		
ctt ttg tca ttg tgg tta tta aac gcc gtt gtg tta tta tta gct tac Leu Leu Ser Leu Trp Leu Leu Asn Ala Val Val Leu Leu Leu Ala Tyr 165 170 175	528		
aag caa atc ggc gtg gct gct aca tta tat ctt gga cat ttt gcg aca Lys Gln Ile Gly Val Ala Ala Thr Leu Tyr Leu Gly His Phe Ala Thr 180 185 190	576		
agt gta ata ttt aca acg tat ttt tgt gga cgc gga aaa ttg gac gaa Ser Val Ile Phe Thr Thr Tyr Phe Cys Gly Arg Gly Lys Leu Asp Glu 195 200 205	624		
acg aac ata aaa gcg gtc gca aat tta cga cag cag agc gtc ttt tta Thr Asn Ile Lys Ala Val Ala Asn Leu Arg Gln Gln Ser Val Phe Leu 210 215 220	672		
tat cgc ctt gcg ggg cct acg cgc gca gtg ttc gtg aat ttg atg gct Tyr Arg Leu Ala Gly Pro Thr Arg Ala Val Phe Val Asn Leu Met Ala 225 230 235 240	720		
gcg ttg atg gcg ata tgt atc cta ttt gta tca tta atg ctg gaa ctt Ala Leu Met Ala Ile Cys Ile Leu Phe Val Ser Leu Met Leu Glu Leu 245 250 255	768		

gtg gtg gcg aat cat cta cat acg gga ctg tgg tca tcg gtg tcc gtg Val Val Ala Asn His Leu His Thr Gly Leu Trp Ser Ser Val Ser Val 260 265 270	816
gcc atg tct aca ttt agt aca ttg tca gtt gta tat ctt ata gta tca Ala Met Ser Thr Phe Ser Thr Leu Ser Val Val Tyr Leu Ile Val Ser 275 280 285	864
gaa tta att ttg gcg cat tat ata cac gtg tta ata gga ccg tcc ctg Glu Leu Ile Leu Ala His Tyr Ile His Val Leu Ile Gly Pro Ser Leu 290 295 300	912
gga acg ctc gtg gcc tgt gct acg ttg gga acc gcc gcg cac tcg tat Gly Thr Leu Val Ala Cys Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala His Ser Tyr 305 310 315 320	960
atg gac cga tta tat gac cct ata tcg gtt caa tct cca cgg tta att Met Asp Arg Leu Tyr Asp Pro Ile Ser Val Gln Ser Pro Arg Leu Ile 325 330 335	1008
ccc aca act cgg gga acc ttg gct tgc ctg gcc gtg ttt tcc gtt gtc Pro Thr Thr Arg Gly Thr Leu Ala Cys Leu Ala Val Phe Ser Val Val 340 345 350	1056
atg ttg ctt ctc aga ttg atg cgt gca tat gtg tat cat cga cag aaa Met Leu Leu Leu Arg Leu Met Arg Ala Tyr Val Tyr His Arg Gln Lys 355 360 365	1104
cgc agt cgg ttc tac ggt gcc gta aga aga gta ccc gag cgg gta cgg Arg Ser Arg Phe Tyr Gly Ala Val Arg Arg Val Pro Glu Arg Val Arg 370 375 380	1152
gga tac ata cga aaa gta aaa cct gca cat aga aat tct cgc cgc aca Gly Tyr Ile Arg Lys Val Lys Pro Ala His Arg Asn Ser Arg Arg Thr 385 390 395 400	1200
aat tac cca tca caa ggc tac ggc tac gtc tat gaa aat gac tca aca Asn Tyr Pro Ser Gln Gly Tyr Gly Tyr Val Tyr Glu Asn Asp Ser Thr 405 410 415	1248
tat gaa acg gac cgc gag gat gag ctg tta tac gag cga tca aac agt Tyr Glu Thr Asp Arg Glu Asp Glu Leu Leu Tyr Glu Arg Ser Asn Ser 420 425 430	1296
ggg tgg gag tag Gly Trp Glu 435	1308

<211> 435  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 83

Met Gly Thr Gln Lys Lys Gly Pro Arg Ser Glu Lys Val Ser Pro Tyr  
 1 5 10 15

Asp Thr Thr Thr Pro Glu Val Glu Ala Leu Asp His Gln Met Asp Thr  
 20 25 30

Leu Asn Trp Arg Ile Trp Ile Ile Gln Val Met Met Phe Thr Leu Gly  
 35 40 45

Ala Val Met Leu Leu Ala Thr Leu Ile Ala Ala Ser Ser Glu Tyr Thr  
 50 55 60

Gly Ile Pro Cys Phe Tyr Ala Ala Val Val Asp Tyr Glu Leu Phe Asn  
 65 70 75 80

Ala Thr Leu Asp Gly Gly Val Trp Ser Gly Asn Arg Gly Gly Tyr Ser  
 85 90 95

Ala Pro Val Leu Phe Leu Glu Pro His Ser Val Val Ala Phe Thr Tyr  
 100 105 110

Tyr Thr Ala Leu Thr Ala Met Ala Met Ala Val Tyr Thr Leu Ile Thr  
 115 120 125

Ala Ala Ile Ile His Arg Glu Thr Lys Asn Gln Arg Val Arg Gln Ser  
 130 135 140

Ser Gly Val Ala Trp Leu Val Val Asp Pro Thr Thr Leu Phe Trp Gly  
 145 150 155 160

Leu Leu Ser Leu Trp Leu Leu Asn Ala Val Val Leu Leu Leu Ala Tyr  
 165 170 175

Lys Gln Ile Gly Val Ala Ala Thr Leu Tyr Leu Gly His Phe Ala Thr  
180 185 190

Ser Val Ile Phe Thr Thr Tyr Phe Cys Gly Arg Gly Lys Leu Asp Glu  
195 200 205

Thr Asn Ile Lys Ala Val Ala Asn Leu Arg Gln Gln Ser Val Phe Leu  
210 215 220

Tyr Arg Leu Ala Gly Pro Thr Arg Ala Val Phe Val Asn Leu Met Ala  
225 230 235 240

Ala Leu Met Ala Ile Cys Ile Leu Phe Val Ser Leu Met Leu Glu Leu  
245 250 255

Val Val Ala Asn His Leu His Thr Gly Leu Trp Ser Ser Val Ser Val  
260 265 270

Ala Met Ser Thr Phe Ser Thr Leu Ser Val Val Tyr Leu Ile Val Ser  
275 280 285

Glu Leu Ile Leu Ala His Tyr Ile His Val Leu Ile Gly Pro Ser Leu  
290 295 300

Gly Thr Leu Val Ala Cys Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala His Ser Tyr  
305 310 315 320

Met Asp Arg Leu Tyr Asp Pro Ile Ser Val Gln Ser Pro Arg Leu Ile  
325 330 335

Pro Thr Thr Arg Gly Thr Leu Ala Cys Leu Ala Val Phe Ser Val Val  
340 345 350

Met Leu Leu Leu Arg Leu Met Arg Ala Tyr Val Tyr His Arg Gln Lys  
355 360 365

Arg Ser Arg Phe Tyr Gly Ala Val Arg Arg Val Pro Glu Arg Val Arg  
370 375 380

Gly Tyr Ile Arg Lys Val Lys Pro Ala His Arg Asn Ser Arg Arg Thr  
 385 390 395 400

Asn Tyr Pro Ser Gln Gly Tyr Gly Tyr Val Tyr Glu Asn Asp Ser Thr  
 405 410 415

Tyr Glu Thr Asp Arg Glu Asp Glu Leu Leu Tyr Glu Arg Ser Asn Ser  
 420 425 430

Gly Trp Glu  
 435

<210> 84  
 <211> 2310  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(2310)

<400> 84  
 atg gcc gaa ata acg tct ctt ttt aat aac agt tcc ggt agt gaa gaa 48  
 Met Ala Glu Ile Thr Ser Leu Phe Asn Asn Ser Ser Gly Ser Glu Glu  
 1 5 10 15  
 aaa agg ata gca agt tct gtt tct att gac cag ggc ttg aat gga agt 96  
 Lys Arg Ile Ala Ser Ser Val Ser Ile Asp Gln Gly Leu Asn Gly Ser  
 20 25 30  
 aac cca aat gac caa tac aag aac atg ttc gat ata tac tgg aat gag 144  
 Asn Pro Asn Asp Gln Tyr Lys Asn Met Phe Asp Ile Tyr Trp Asn Glu  
 35 40 45  
 tac gcc ccg gat ata ggg ttt tgt aca ttt ccg gag gaa gat ggc tgg 192  
 Tyr Ala Pro Asp Ile Gly Phe Cys Thr Phe Pro Glu Glu Asp Gly Trp  
 50 55 60  
 atg tta ata cac cca acc acg caa agt atg ttg ttt cga aaa atc cta 240  
 Met Leu Ile His Pro Thr Thr Gln Ser Met Leu Phe Arg Lys Ile Leu  
 65 70 75 80  
 gcc ggt gac ttt gga tat acc gat gga caa ggc ata tat agc gct gta 288



Ala Gly Asp Phe Gly Tyr Thr Asp Gly Gln Gly Ile Tyr Ser Ala Val	
85 90 95	
cgg tct acg gaa act gta att cgc caa gtt cag gca acc gtt ttg atg	336
Arg Ser Thr Glu Thr Val Ile Arg Gln Val Gln Ala Thr Val Leu Met	
100 105 110	
aac gcg ttg gat gca act cgg tat gag gac cta gca gca gat tgg gaa	384
Asn Ala Leu Asp Ala Thr Arg Tyr Glu Asp Leu Ala Ala Asp Trp Glu	
115 120 125	
cac cac atc caa caa tgt aac ctg cat gcc ggg gct cta gcg gaa cgt	432
His His Ile Gln Gln Cys Asn Leu His Ala Gly Ala Leu Ala Glu Arg	
130 135 140	
tat ggg cta tgt gga gaa tca gaa gcc gta cgg ctt gca cat cag gtt	480
Tyr Gly Leu Cys Gly Glu Ser Glu Ala Val Arg Leu Ala His Gln Val	
145 150 155 160	
ttt gaa acc tgg cgt caa aca tta cag tca tcg tta ctt gag ttt ctg	528
Phe Glu Thr Trp Arg Gln Thr Leu Gln Ser Ser Leu Leu Glu Phe Leu	
165 170 175	
cgt gga ata acc ggt tgt ctc tat acc agt ggt tta aat gga agg gtc	576
Arg Gly Ile Thr Gly Cys Leu Tyr Thr Ser Gly Leu Asn Gly Arg Val	
180 185 190	
ggt ttt gcc aaa tac gtg gac tgg ata gcc tgt gta ggt att gtg ccc	624
Gly Phe Ala Lys Tyr Val Asp Trp Ile Ala Cys Val Gly Ile Val Pro	
195 200 205	
gtt gta aga aag gta cga tca gaa cag aat gga acc cct gca cca tta	672
Val Val Arg Lys Val Arg Ser Glu Gln Asn Gly Thr Pro Ala Pro Leu	
210 215 220	
aat acg tat atg ggt caa gcg gca gaa ctg tcc cag atg tta aaa gtt	720
Asn Thr Tyr Met Gly Gln Ala Ala Glu Leu Ser Gln Met Leu Lys Val	
225 230 235 240	
gcc gat gca acg ttg gcc aga gga gcg gcg gtt gtc aca agc cta gtt	768
Ala Asp Ala Thr Leu Ala Arg Gly Ala Ala Val Val Thr Ser Leu Val	
245 250 255	
gag tgt atg caa aat gtt gct att atg gat tat gat agg acg cgt ctt	816
Glu Cys Met Gln Asn Val Ala Ile Met Asp Tyr Asp Arg Thr Arg Leu	
260 265 270	
tat tat aat tat aac cga aga tta att atg gca aag gat gat gta acg	864
Tyr Tyr Asn Tyr Asn Arg Arg Leu Ile Met Ala Lys Asp Asp Val Thr	
275 280 285	

ggc atg aag gga gag tgt ttg gtc gtg tgg ccg ccc gtt gta tgt ggg Gly Met Lys Gly Glu Cys Leu Val Val Trp Pro Pro Val Val Cys Gly 290 295 300	912
gag ggt gta gta ttt gac tca ccc tta cag cgg ctt tct ggg gag gtg Glu Gly Val Val Phe Asp Ser Pro Leu Gln Arg Leu Ser Gly Glu Val 305 310 315 320	960
ttg gcc tgt tat gca tta cgt gaa cat gct cgc gtc tgc caa gtt tta Leu Ala Cys Tyr Ala Leu Arg Glu His Ala Arg Val Cys Gln Val Leu 325 330 335	1008
aat aca gcc cct ttg cgc gtg tta ata ggt cgc cgg aat gaa gat gat Asn Thr Ala Pro Leu Arg Val Leu Ile Gly Arg Arg Asn Glu Asp Asp 340 345 350	1056
aga tct cac agc aca cgt gcg gtt gat cgt ata atg ggc gag aac gat Arg Ser His Ser Thr Arg Ala Val Asp Arg Ile Met Gly Glu Asn Asp 355 360 365	1104
aca aca cgg gct gga tcg gcc gcg tct aga ctt gta aag cta ata gtt Thr Thr Arg Ala Gly Ser Ala Ala Ser Arg Leu Val Lys Leu Ile Val 370 375 380	1152
aac tta aaa aac atg aga cat gtt gga gat att acc gaa acc gta cgt Asn Leu Lys Asn Met Arg His Val Gly Asp Ile Thr Glu Thr Val Arg 385 390 395 400	1200
tcc tat cta gaa gaa acg ggc aat cac att ctg gaa gga agt gga tcg Ser Tyr Leu Glu Glu Thr Gly Asn His Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ser 405 410 415	1248
gtg gac aca tca caa ccg ggg ttt ggc aag gcc aac caa tcc ttt aac Val Asp Thr Ser Gln Pro Gly Phe Gly Lys Ala Asn Gln Ser Phe Asn 420 425 430	1296
ggg ggg gca atg tcc gga aca aca aac gtt caa agt gcg ttt aaa act Gly Gly Ala Met Ser Gly Thr Thr Asn Val Gln Ser Ala Phe Lys Thr 435 440 445	1344
tcg gtg gtt aac agt atc aac ggc atg ctc gag ggt tat gtg aat aat Ser Val Val Asn Ser Ile Asn Gly Met Leu Glu Gly Tyr Val Asn Asn 450 455 460	1392
tta ttc aaa acc att gag ggt ctc aag gat gtg aac agc gat ctg acc Leu Phe Lys Thr Ile Glu Gly Leu Lys Asp Val Asn Ser Asp Leu Thr 465 470 475 480	1440
gaa agg ctc cag ttc aaa gaa gga gag ctg aaa cgg tta cgg gaa gag	1488

Glu Arg Leu Gln Phe Lys Glu Gly Glu Leu Lys Arg Leu Arg Glu Glu  
 485 490 495  
 agg gta aaa ata aag cca tct aaa ggg tca cat att aca atg gca gaa 1536  
 Arg Val Lys Ile Lys Pro Ser Lys Gly Ser His Ile Thr Met Ala Glu  
 500 505 510  
 gaa aca cgt att gcc gat tta aat cac gag gtt ata gat ctt acc ggc 1584  
 Glu Thr Arg Ile Ala Asp Leu Asn His Glu Val Ile Asp Leu Thr Gly  
 515 520 525  
 ata ata ggg gat gat gca tat att gcc aat agt ttt caa tct cgt tat 1632  
 Ile Ile Gly Asp Asp Ala Tyr Ile Ala Asn Ser Phe Gln Ser Arg Tyr  
 530 535 540  
 atc ccc cct tat gga gat gat ata aaa cgt ttg tct gag cta tgg aaa 1680  
 Ile Pro Pro Tyr Gly Asp Asp Ile Lys Arg Leu Ser Glu Leu Trp Lys  
 545 550 555 560  
 cag gaa ctt gtt cgc tgt ttt aag ctt cac cgg gta aac aat aat caa 1728  
 Gln Glu Leu Val Arg Cys Phe Lys Leu His Arg Val Asn Asn Asn Gln  
 565 570 575  
 ggc cag gaa att tct gta tca tat tca aat gcg tca atc tca tta cta 1776  
 Gly Gln Glu Ile Ser Val Ser Tyr Ser Asn Ala Ser Ile Ser Leu Leu  
 580 585 590  
 gtt gcg ccg tat ttt tca ttc ata tta cgg gcc acc cga tta gga ttc 1824  
 Val Ala Pro Tyr Phe Ser Phe Ile Leu Arg Ala Thr Arg Leu Gly Phe  
 595 600 605  
 ttg gta act caa agc gag gta cat agg tca gag gaa gag tta tgc cag 1872  
 Leu Val Thr Gln Ser Glu Val His Arg Ser Glu Glu Glu Leu Cys Gln  
 610 615 620  
 gct att ttt aaa aag gcg aga aca gag tcc tat tta tcc caa atc cga 1920  
 Ala Ile Phe Lys Lys Ala Arg Thr Glu Ser Tyr Leu Ser Gln Ile Arg  
 625 630 635 640  
 ata tta tat gaa atg cag gtt cgc gca gag gta ata aaa cgg ggc cca 1968  
 Ile Leu Tyr Glu Met Gln Val Arg Ala Glu Val Ile Lys Arg Gly Pro  
 645 650 655  
 cgg aga aca cca agt cct tcc tgg ggt ttg cct gac cct aca gaa gat 2016  
 Arg Arg Thr Pro Ser Pro Ser Trp Gly Leu Pro Asp Pro Thr Glu Asp  
 660 665 670  
 gac gaa aga atc ccg gaa ccc aat aaa ata aat aac caa tac atg cat 2064  
 Asp Glu Arg Ile Pro Glu Pro Asn Lys Ile Asn Asn Gln Tyr Met His  
 675 680 685

gtt gga tat aaa aac cta tcc cat ttt atg aaa gga cac ccc cct gag 2112  
 Val Gly Tyr Lys Asn Leu Ser His Phe Met Lys Gly His Pro Pro Glu  
 690 695 700

agg tta cgg gta cac aag gta aat gca gcg gat tcg acc tta ctg gat 2160  
 Arg Leu Arg Val His Lys Val Asn Ala Ala Asp Ser Thr Leu Leu Asp  
 705 710 715 720

aaa att cga gca aac cgg agg cgc ggg gat ggc cga tgg gat gtc cgg 2208  
 Lys Ile Arg Ala Asn Arg Arg Arg Gly Asp Gly Arg Trp Asp Val Arg  
 725 730 735

aat aaa tat acc cag cat ttt agg ttg cag cgt aac gat cga caa ctt 2256  
 Asn Lys Tyr Thr Gln His Phe Arg Leu Gln Arg Asn Asp Arg Gln Leu  
 740 745 750

act aac acg agc cga aga ggg gtt gga tgt gag cga cgt gat cga aga 2304  
 Thr Asn Thr Ser Arg Arg Gly Val Gly Cys Glu Arg Arg Asp Arg Arg  
 755 760 765

tct tag 2310  
 Ser

<210> 85  
 <211> 769  
 <212> PRT  
 <213> Varicella zoster

<400> 85

Met Ala Glu Ile Thr Ser Leu Phe Asn Asn Ser Ser Gly Ser Glu Glu  
 1 5 10 15

Lys Arg Ile Ala Ser Ser Val Ser Ile Asp Gln Gly Leu Asn Gly Ser  
 20 25 30

Asn Pro Asn Asp Gln Tyr Lys Asn Met Phe Asp Ile Tyr Trp Asn Glu  
 35 40 45

Tyr Ala Pro Asp Ile Gly Phe Cys Thr Phe Pro Glu Glu Asp Gly Trp  
 50 55 60

Met Leu Ile His Pro Thr Thr Gln Ser Met Leu Phe Arg Lys Ile Leu

65

70

75

80

Ala Gly Asp Phe Gly Tyr Thr Asp Gly Gln Gly Ile Tyr Ser Ala Val  
85 90 95

Arg Ser Thr Glu Thr Val Ile Arg Gln Val Gln Ala Thr Val Leu Met  
100 105 110

Asn Ala Leu Asp Ala Thr Arg Tyr Glu Asp Leu Ala Ala Asp Trp Glu  
115 120 125

His His Ile Gln Gln Cys Asn Leu His Ala Gly Ala Leu Ala Glu Arg  
130 135 140

Tyr Gly Leu Cys Gly Glu Ser Glu Ala Val Arg Leu Ala His Gln Val  
145 150 155 160

Phe Glu Thr Trp Arg Gln Thr Leu Gln Ser Ser Leu Leu Glu Phe Leu  
165 170 175

Arg Gly Ile Thr Gly Cys Leu Tyr Thr Ser Gly Leu Asn Gly Arg Val  
180 185 190

Gly Phe Ala Lys Tyr Val Asp Trp Ile Ala Cys Val Gly Ile Val Pro  
195 200 205

Val Val Arg Lys Val Arg Ser Glu Gln Asn Gly Thr Pro Ala Pro Leu  
210 215 220

Asn Thr Tyr Met Gly Gln Ala Ala Glu Leu Ser Gln Met Leu Lys Val  
225 230 235 240

Ala Asp Ala Thr Leu Ala Arg Gly Ala Ala Val Val Thr Ser Leu Val  
245 250 255

Glu Cys Met Gln Asn Val Ala Ile Met Asp Tyr Asp Arg Thr Arg Leu  
260 265 270



Tyr Tyr Asn Tyr Asn Arg Arg Leu Ile Met Ala Lys Asp Asp Val Thr  
275 280 285

Gly Met Lys Gly Glu Cys Leu Val Val Trp Pro Pro Val Val Cys Gly  
290 295 300

Glu Gly Val Val Phe Asp Ser Pro Leu Gln Arg Leu Ser Gly Glu Val  
305 310 315 320

Leu Ala Cys Tyr Ala Leu Arg Glu His Ala Arg Val Cys Gln Val Leu  
325 330 335

Asn Thr Ala Pro Leu Arg Val Leu Ile Gly Arg Arg Asn Glu Asp Asp  
340 345 350

Arg Ser His Ser Thr Arg Ala Val Asp Arg Ile Met Gly Glu Asn Asp  
355 360 365

Thr Thr Arg Ala Gly Ser Ala Ala Ser Arg Leu Val Lys Leu Ile Val  
370 375 380

Asn Leu Lys Asn Met Arg His Val Gly Asp Ile Thr Glu Thr Val Arg  
385 390 395 400

Ser Tyr Leu Glu Glu Thr Gly Asn His Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ser  
405 410 415

Val Asp Thr Ser Gln Pro Gly Phe Gly Lys Ala Asn Gln Ser Phe Asn  
420 425 430

Gly Gly Ala Met Ser Gly Thr Thr Asn Val Gln Ser Ala Phe Lys Thr  
435 440 445

Ser Val Val Asn Ser Ile Asn Gly Met Leu Glu Gly Tyr Val Asn Asn  
450 455 460

Leu Phe Lys Thr Ile Glu Gly Leu Lys Asp Val Asn Ser Asp Leu Thr

465

470

475

480

Glu Arg Leu Gln Phe Lys Glu Gly Glu Leu Lys Arg Leu Arg Glu Glu  
485 490 495

Arg Val Lys Ile Lys Pro Ser Lys Gly Ser His Ile Thr Met Ala Glu  
500 505 510

Glu Thr Arg Ile Ala Asp Leu Asn His Glu Val Ile Asp Leu Thr Gly  
515 520 525

Ile Ile Gly Asp Asp Ala Tyr Ile Ala Asn Ser Phe Gln Ser Arg Tyr  
530 535 540

Ile Pro Pro Tyr Gly Asp Asp Ile Lys Arg Leu Ser Glu Leu Trp Lys  
545 550 555 560

Gln Glu Leu Val Arg Cys Phe Lys Leu His Arg Val Asn Asn Asn Gln  
565 570 575

Gly Gln Glu Ile Ser Val Ser Tyr Ser Asn Ala Ser Ile Ser Leu Leu  
580 585 590

Val Ala Pro Tyr Phe Ser Phe Ile Leu Arg Ala Thr Arg Leu Gly Phe  
595 600 605

Leu Val Thr Gln Ser Glu Val His Arg Ser Glu Glu Glu Leu Cys Gln  
610 615 620

Ala Ile Phe Lys Lys Ala Arg Thr Glu Ser Tyr Leu Ser Gln Ile Arg  
625 630 635 640

Ile Leu Tyr Glu Met Gln Val Arg Ala Glu Val Ile Lys Arg Gly Pro  
645 650 655

Arg Arg Thr Pro Ser Pro Ser Trp Gly Leu Pro Asp Pro Thr Glu Asp  
660 665 670

Asp Glu Arg Ile Pro Glu Pro Asn Lys Ile Asn Asn Gln Tyr Met His  
675 680 685

Val Gly Tyr Lys Asn Leu Ser His Phe Met Lys Gly His Pro Pro Glu  
690 695 700

Arg Leu Arg Val His Lys Val Asn Ala Ala Asp Ser Thr Leu Leu Asp  
705 710 715 720

Lys Ile Arg Ala Asn Arg Arg Arg Gly Asp Gly Arg Trp Asp Val Arg  
725 730 735

Asn Lys Tyr Thr Gln His Phe Arg Leu Gln Arg Asn Asp Arg Gln Leu  
740 745 750

Thr Asn Thr Ser Arg Arg Gly Val Gly Cys Glu Arg Arg Asp Arg Arg  
755 760 765

Ser

<210> 86  
<211> 666  
<212> DNA  
<213> Varicella zoster

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(666)

<400> 86  
atg ttt tcg gag ttg cct cct tcc gta ccg acg gca ttg ctt caa tgg 48  
Met Phe Ser Glu Leu Pro Pro Ser Val Pro Thr Ala Leu Leu Gln Trp  
1 5 10 15

ggt tgg gga ttg cat cgt gga ccg tgt tcg atc cca aat ttt aaa cag 96  
Gly Trp Gly Leu His Arg Gly Pro Cys Ser Ile Pro Asn Phe Lys Gln  
20 25 30

gta gcc agc caa cac agt gtt cag aac gat ttt aca gaa aat agc gtt 144  
Val Ala Ser Gln His Ser Val Gln Asn Asp Phe Thr Glu Asn Ser Val

35	40	45	
gat gca aat gaa aaa ttt ccg att ggg cac gcg ggc tgt att gag aaa			192
Asp Ala Asn Glu Lys Phe Pro Ile Gly His Ala Gly Cys Ile Glu Lys			
50	55	60	
acc aaa gac gac tat gta cca ttt gat acg ttg ttc atg gta tca tct			240
Thr Lys Asp Asp Tyr Val Pro Phe Asp Thr Leu Phe Met Val Ser Ser			
65	70	75	80
att gac gaa ctt ggg cgg aga caa tta acc gac acc atc cgc cgc agc			288
Ile Asp Glu Leu Gly Arg Arg Gln Leu Thr Asp Thr Ile Arg Arg Ser			
85	90	95	
ttg gtt atg aac gcc tgt gaa ata acg gtc gcg tgt acg aaa acc gca			336
Leu Val Met Asn Ala Cys Glu Ile Thr Val Ala Cys Thr Lys Thr Ala			
100	105	110	
gcc ttt tct ggt cga ggc gtg tca cga caa aaa cac gtg acc cta tct			384
Ala Phe Ser Gly Arg Gly Val Ser Arg Gln Lys His Val Thr Leu Ser			
115	120	125	
aaa aat aaa ttc aat cca tcc agt cat aag agc ctg caa atg ttt gtg			432
Lys Asn Lys Phe Asn Pro Ser Ser His Lys Ser Leu Gln Met Phe Val			
130	135	140	
ttg tgt caa aaa acc cat gca ccc cgt gtc aga aac cta ctg tac gag			480
Leu Cys Gln Lys Thr His Ala Pro Arg Val Arg Asn Leu Leu Tyr Glu			
145	150	155	160
agt att cgt gca aga aga cct cgc cga tat tac acc cgc tca acg gac			528
Ser Ile Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Tyr Tyr Thr Arg Ser Thr Asp			
165	170	175	
gga aaa tcg cgt ccg ttg gta cca gtg ttt gtg tat gag ttt acg gct			576
Gly Lys Ser Arg Pro Leu Val Pro Val Phe Val Tyr Glu Phe Thr Ala			
180	185	190	
tta gat cgt gtc ctt tta cat aag gaa aat act ttg acc gac caa cca			624
Leu Asp Arg Val Leu Leu His Lys Glu Asn Thr Leu Thr Asp Gln Pro			
195	200	205	
att aat act gaa aat agc ggt cat gga cgt acg aga acg taa			666
Ile Asn Thr Glu Asn Ser Gly His Gly Arg Thr Arg Thr			
210	215	220	

<210> 87  
 <211> 221  
 <212> PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 87

Met Phe Ser Glu Leu Pro Pro Ser Val Pro Thr Ala Leu Leu Gln Trp  
 1 5 10 15

Gly Trp Gly Leu His Arg Gly Pro Cys Ser Ile Pro Asn Phe Lys Gln  
 20 25 30

Val Ala Ser Gln His Ser Val Gln Asn Asp Phe Thr Glu Asn Ser Val  
 35 40 45

Asp Ala Asn Glu Lys Phe Pro Ile Gly His Ala Gly Cys Ile Glu Lys  
 50 55 60

Thr Lys Asp Asp Tyr Val Pro Phe Asp Thr Leu Phe Met Val Ser Ser  
 65 70 75 80

Ile Asp Glu Leu Gly Arg Arg Gln Leu Thr Asp Thr Ile Arg Arg Ser  
 85 90 95

Leu Val Met Asn Ala Cys Glu Ile Thr Val Ala Cys Thr Lys Thr Ala  
 100 105 110

Ala Phe Ser Gly Arg Gly Val Ser Arg Gln Lys His Val Thr Leu Ser  
 115 120 125

Lys Asn Lys Phe Asn Pro Ser Ser His Lys Ser Leu Gln Met Phe Val  
 130 135 140

Leu Cys Gln Lys Thr His Ala Pro Arg Val Arg Asn Leu Leu Tyr Glu  
 145 150 155 160

Ser Ile Arg Ala Arg Arg Pro Arg Arg Tyr Tyr Thr Arg Ser Thr Asp  
 165 170 175

Gly Lys Ser Arg Pro Leu Val Pro Val Phe Val Tyr Glu Phe Thr Ala  
 180 185 190



Leu Asp Arg Val Leu Leu His Lys Glu Asn Thr Leu Thr Asp Gln Pro  
 195 200 205

Ile Asn Thr Glu Asn Ser Gly His Gly Arg Thr Arg Thr  
 210 215 220

<210> 88  
 <211> 480  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(480)

<400> 88  
 atg gca tca cat aaa tgg tta ctg cag ata gtt ttt tta aaa act atc 48  
 Met Ala Ser His Lys Trp Leu Leu Gln Ile Val Phe Leu Lys Thr Ile  
 1 5 10 15  
 aca atc gcg tat tgt ctt cat ctc caa gac gac act ccg ttg ttt ttt 96  
 Thr Ile Ala Tyr Cys Leu His Leu Gln Asp Asp Thr Pro Leu Phe Phe  
 20 25 30  
 gga gcc aaa ccg cta tcg gat gtg agt ttg att ata acg gaa ccg tgc 144  
 Gly Ala Lys Pro Leu Ser Asp Val Ser Leu Ile Ile Thr Glu Pro Cys  
 35 40 45  
 gtg tca tcg gta tat gag gcg tgg gac tat gcg gca ccc ccg gta tca 192  
 Val Ser Ser Val Tyr Glu Ala Trp Asp Tyr Ala Ala Pro Pro Val Ser  
 50 55 60  
 aac ctc agc gag gcg cta tcg gga atc gtg gtt aag aca aaa tgt cca 240  
 Asn Leu Ser Glu Ala Leu Ser Gly Ile Val Val Lys Thr Lys Cys Pro  
 65 70 75 80  
 gta ccg gaa gtt ata ctt tgg ttt aaa gac aaa caa atg gcg tac tgg 288  
 Val Pro Glu Val Ile Leu Trp Phe Lys Asp Lys Gln Met Ala Tyr Trp  
 85 90 95  
 aca aat cca tac gtc acc tta aag ggg ctg gca caa tct gtt ggt gaa 336  
 Thr Asn Pro Tyr Val Thr Leu Lys Gly Leu Ala Gln Ser Val Gly Glu  
 100 105 110  
 gaa cat aaa agc ggg gac ata cgc gat gct ttg ttg gat gcc ctt tcc 384

Glu His Lys Ser Gly Asp Ile Arg Asp Ala Leu Leu Asp Ala Leu Ser  
115 120 125

ggt gta tgg gta gac tct act cca tct tcc aca aat atc ccg gaa aat 432  
Gly Val Trp Val Asp Ser Thr Pro Ser Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn  
130 135 140

gga tgt gtc tgg gga gcc gac cgt ttg ttc caa cgc gta tgc caa tga 480  
Gly Cys Val Trp Gly Ala Asp Arg Leu Phe Gln Arg Val Cys Gln  
145 150 155

<210> 89  
<211> 159  
<212> PRT  
<213> Varicella zoster

<400> 89

Met Ala Ser His Lys Trp Leu Leu Gln Ile Val Phe Leu Lys Thr Ile  
1 5 10 15

Thr Ile Ala Tyr Cys Leu His Leu Gln Asp Asp Thr Pro Leu Phe Phe  
20 25 30

Gly Ala Lys Pro Leu Ser Asp Val Ser Leu Ile Ile Thr Glu Pro Cys  
35 40 45

Val Ser Ser Val Tyr Glu Ala Trp Asp Tyr Ala Ala Pro Pro Val Ser  
50 55 60

Asn Leu Ser Glu Ala Leu Ser Gly Ile Val Val Lys Thr Lys Cys Pro  
65 70 75 80

Val Pro Glu Val Ile Leu Trp Phe Lys Asp Lys Gln Met Ala Tyr Trp  
85 90 95

Thr Asn Pro Tyr Val Thr Leu Lys Gly Leu Ala Gln Ser Val Gly Glu  
100 105 110

Glu His Lys Ser Gly Asp Ile Arg Asp Ala Leu Leu Asp Ala Leu Ser  
115 120 125

Gly Val Trp Val Asp Ser Thr Pro Ser Ser Thr Asn Ile Pro Glu Asn  
 130 135 140

Gly Cys Val Trp Gly Ala Asp Arg Leu Phe Gln Arg Val Cys Gln  
 145 150 155

<210> 90  
 <211> 909  
 <212> DNA  
 <213> Varicella zoster

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(909)

<400> 90  
 atg gct tct gta gca ggt aac gct agt aat atc tca cca cag ccc ccg 48  
 Met Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro  
 1 5 10 15

tcg ggc gtt cca acc gga ggg gaa ttt gta ctg ata cct acc gcg tat 96  
 Ser Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr  
 20 25 30

tat tca cag ctg tta acc ggg cag act aaa aat ccg cag gta tca att 144  
 Tyr Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile  
 35 40 45

gga gct cca aat aac gga cag tat atc gtc ggg cca tat gga tct cca 192  
 Gly Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro  
 50 55 60

cac ccg cct gcc ttc cca cct aat aca ggg ggt tat ggt tgc cct ccg 240  
 His Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro  
 65 70 75 80

gga cac ttc ggg gga ccg tac ggg ttt ccg gga tat cca cca ccc aat 288  
 Gly His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Pro Asn  
 85 90 95

cgt ttg gaa atg caa atg tcc gca ttt atg aac gca ttg gcc gcc gaa 336  
 Arg Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu  
 100 105 110

cgg ggt att gac ttg cag acc ccg tgt gta aat ttt cca gac aaa acc 384  
 Arg Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr

115	120	125	
gat gtc cgt cgt cca gga aaa cgg gat ttc aag agc atg gat caa agg			432
Asp Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg			
130	135	140	
gaa ttg gat tct ttt tat agt ggg gag tct caa atg gac gga gag ttt			480
Glu Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe			
145	150	155	160
ccc tca aat ata tat ttt ccc ggt gaa cca acg tat ata acg cat cgg			528
Pro Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg			
	165	170	175
aga cgt cga gtt tct cca tca tat tgg cag agg aga cac aga gtt tct			576
Arg Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser			
	180	185	190
aat ggt cag cac gaa gag ctt gct ggg gtt gtg gca aaa ctg caa cag			624
Asn Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln			
	195	200	205
gag gtt aca gag cta aaa tca caa aat ggg aca caa atg cct ttg tcg			672
Glu Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser			
	210	215	220
cac cat aca aat ata cca gag ggg aca cgg gat cct cga ata tcg att			720
His His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile			
	225	230	235
240			
tta tta aaa cag ctt caa agc gtt tcg ggt cta tgc tca tcc caa aat			768
Leu Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn			
	245	250	255
aca aca agc acc cca cat aca gat aca gtt gga caa gat gta aat gca			816
Thr Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala			
	260	265	270
gtg gag gcg agt tcc aag gcc cct tta ata cag ggg tcc acg gca gac			864
Val Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp			
	275	280	285
gac gcc gat atg ttt gca aat cag atg atg gtg ggg cgg tgt taa			909
Asp Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys			
	290	295	300

<210> 91  
 <211> 302  
 <212> PRT

&lt;213&gt; Varicella zoster

&lt;400&gt; 91

Met Ala Ser Val Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ile Ser Pro Gln Pro Pro  
1 5 10 15

Ser Gly Val Pro Thr Gly Gly Glu Phe Val Leu Ile Pro Thr Ala Tyr  
20 25 30

Tyr Ser Gln Leu Leu Thr Gly Gln Thr Lys Asn Pro Gln Val Ser Ile  
35 40 45

Gly Ala Pro Asn Asn Gly Gln Tyr Ile Val Gly Pro Tyr Gly Ser Pro  
50 55 60

His Pro Pro Ala Phe Pro Pro Asn Thr Gly Gly Tyr Gly Cys Pro Pro  
65 70 75 80

Gly His Phe Gly Gly Pro Tyr Gly Phe Pro Gly Tyr Pro Pro Pro Asn  
85 90 95

Arg Leu Glu Met Gln Met Ser Ala Phe Met Asn Ala Leu Ala Ala Glu  
100 105 110

Arg Gly Ile Asp Leu Gln Thr Pro Cys Val Asn Phe Pro Asp Lys Thr  
115 120 125

Asp Val Arg Arg Pro Gly Lys Arg Asp Phe Lys Ser Met Asp Gln Arg  
130 135 140

Glu Leu Asp Ser Phe Tyr Ser Gly Glu Ser Gln Met Asp Gly Glu Phe  
145 150 155 160

Pro Ser Asn Ile Tyr Phe Pro Gly Glu Pro Thr Tyr Ile Thr His Arg  
165 170 175

Arg Arg Arg Val Ser Pro Ser Tyr Trp Gln Arg Arg His Arg Val Ser  
180 185 190



Asn Gly Gln His Glu Glu Leu Ala Gly Val Val Ala Lys Leu Gln Gln  
195 200 205

Glu Val Thr Glu Leu Lys Ser Gln Asn Gly Thr Gln Met Pro Leu Ser  
210 215 220

His His Thr Asn Ile Pro Glu Gly Thr Arg Asp Pro Arg Ile Ser Ile  
225 230 235 240

Leu Leu Lys Gln Leu Gln Ser Val Ser Gly Leu Cys Ser Ser Gln Asn  
245 250 255

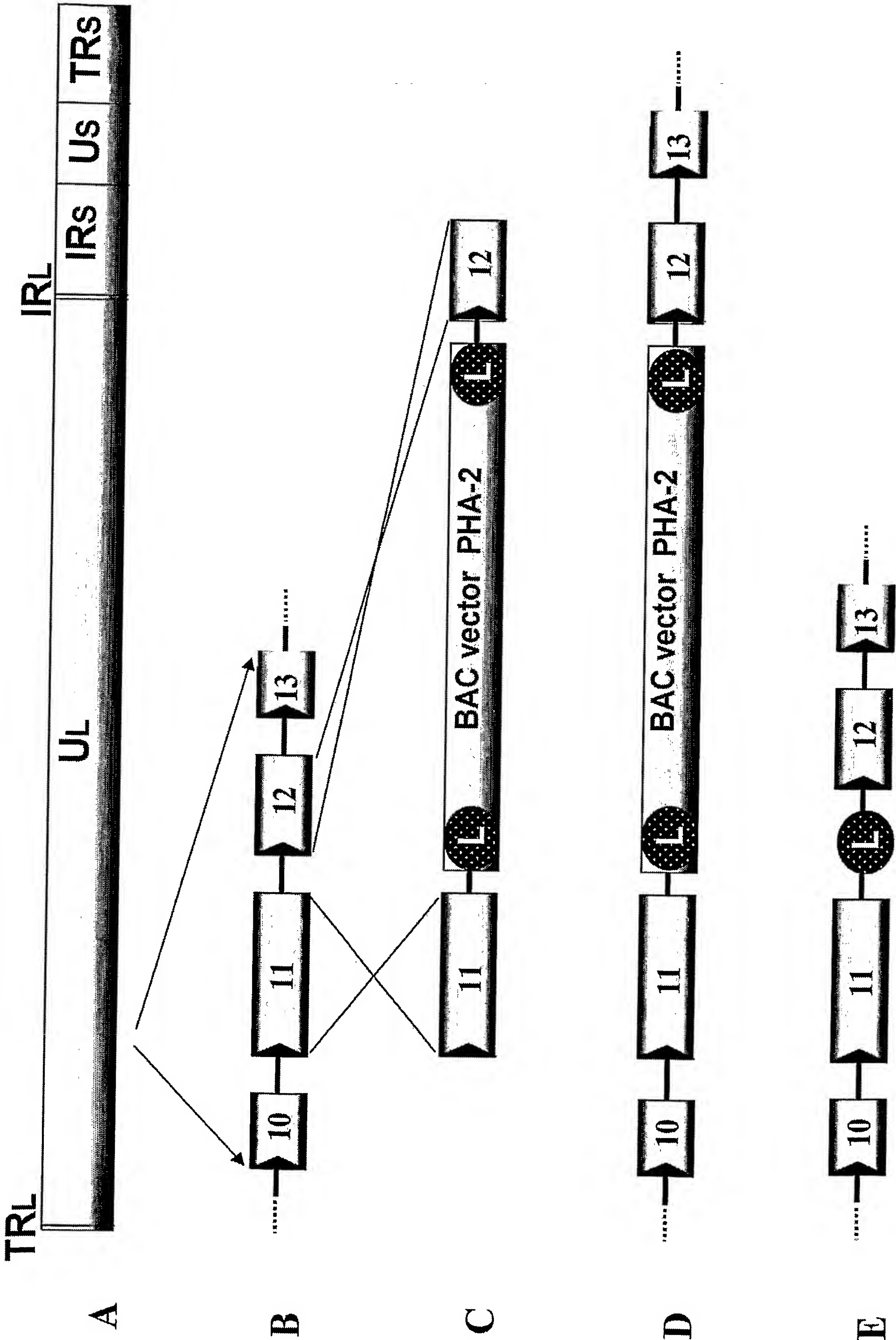
Thr Thr Ser Thr Pro His Thr Asp Thr Val Gly Gln Asp Val Asn Ala  
260 265 270

Val Glu Ala Ser Ser Lys Ala Pro Leu Ile Gln Gly Ser Thr Ala Asp  
275 280 285

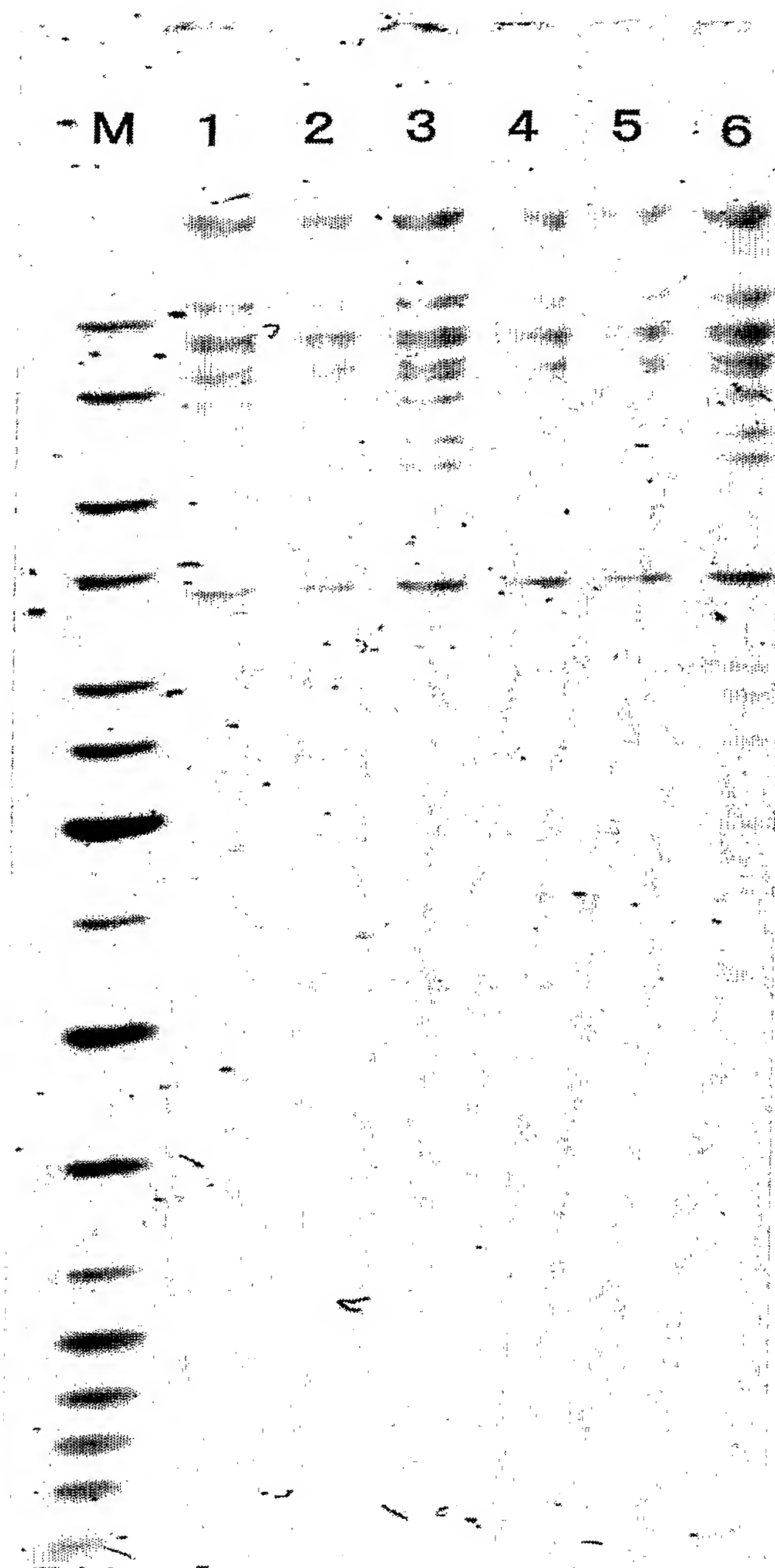
Asp Ala Asp Met Phe Ala Asn Gln Met Met Val Gly Arg Cys  
290 295 300

【書類名】 図面

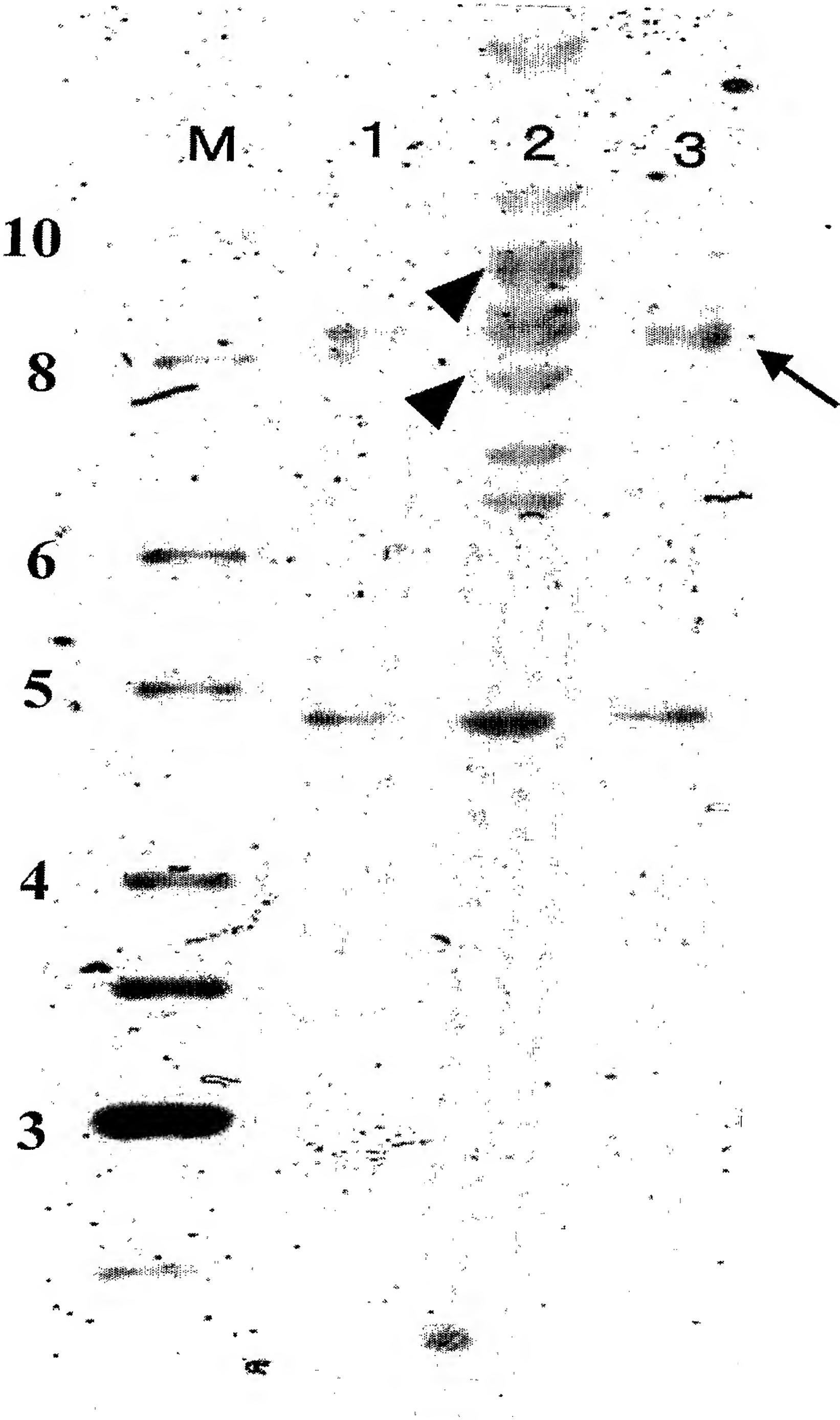
【図 1】



【図 2】

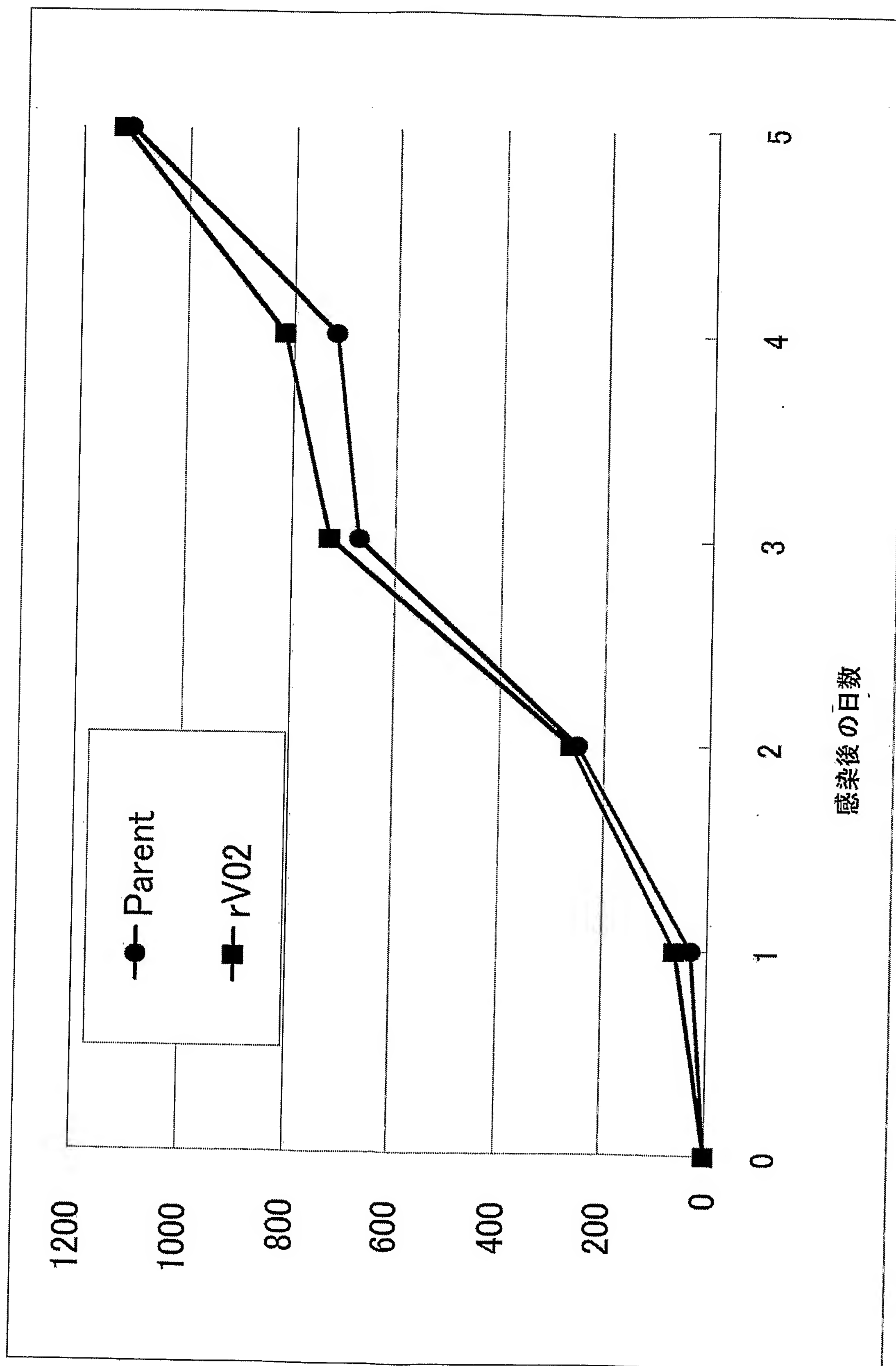


【図 3】





【図 4】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 組換え水痘带状疱疹ウイルス、およびその製造方法、ならびに組換え水痘带状疱疹ウイルスを含む薬学的組成物を提供すること、さらに、水痘带状疱疹ウイルスゲノム遺伝子と BAC ベクター配列とを含むベクター、およびそのようなベクターを含む細胞、ならびに水痘带状疱疹ウイルスゲノムと相同組換えし得るフラグメント、および BAC ベクター配列を含む核酸カセットを提供することが課題である。

【解決手段】 BAC ベクター配列を用いる組換え水痘带状疱疹ウイルス製造方法を開発することによって上記課題を解決した。

【選択図】 なし

特願 2 0 0 4 - 0 6 3 2 7 7

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[ 0 0 0 1 7 3 6 9 2 ]

1. 変更年月日

1 9 9 0 年 8 月 1 3 日

[変更理由]

新規登録

住 所

大阪府吹田市山田丘 3 番 1 号 大阪大学内

氏 名

財団法人阪大微生物病研究会